



UNIVERSIDADE DE LISBOA
Faculdade de Medicina Veterinária

CARACTERIZAÇÃO DEMOGRÁFICA DA RAÇA SUÍNA ALENTEJANA

Mafalda Borges Mendes

CONSTITUIÇÃO DO JURI:

Doutor João Pedro Bengala Freire
Doutor Rui Manuel de Vasconcelos e Horta Caldeira
Doutor Luís Lavadinho Telo da Gama

ORIENTADOR:

Doutor Luís Lavadinho Telo da Gama

2013

LISBOA



UNIVERSIDADE DE LISBOA
Faculdade de Medicina Veterinária

CARACTERIZAÇÃO DEMOGRÁFICA DA RAÇA SUÍNA ALENTEJANA

Dissertação de Mestrado em Engenharia Zootécnica/Produção Animal

Mafalda Borges Mendes

CONSTITUIÇÃO DO JURI:

Doutor João Pedro Bengala Freire
Doutor Rui Manuel de Vasconcelos e Horta Caldeira
Doutor Luís Lavadinho Telo da Gama

ORIENTADOR:

Doutor Luís Lavadinho Telo da Gama

2013

LISBOA

"A diferença entre o possível e o impossível está na vontade humana."

Louis Pasteur

Aos meus mais-que-tudo,

Joaquim Anastácio Lopes Mendes Borges
Ana Maria Jacinto Borges Mendes
Diogo Borges Mendes

Por todo o amor incondicional, pela amizade, compreensão e apoio que me têm
dado ao longo desta jornada que é a vida...

DEDICO

AGRADECIMENTOS

❖ Aos meus pais, Joaquim e Ana, e ao meu irmão, Diogo, por todo amor, carinho, compreensão e apoio que sempre me deram ao longo desta grande jornada que é a vida; pela educação, pelas oportunidades, pelos bons e maus momentos, pelos esforços todos que fizeram de mim o que sou hoje.

❖ Ao Professor Doutor Luís Lavadinho Telo da Gama, meu sábio mentor, por todo o apoio, amizade, força e motivação; pelas oportunidades proporcionadas, transmissão de conhecimentos e, mais brilhantemente, por me despertar e estimular o interesse na área do Melhoramento Genético Animal.

❖ À União de Associações do Porco Alentejano, mais concretamente à Engenheira Filipa David (ANCPA) e ao Engenheiro Hugo Paixim (ACPA), com quem comuniquei ao longo deste trabalho, pela ajuda, simpatia e disponibilidade tão pronta em esclarecer qualquer dúvida.

❖ Ao Professor Doutor João Pedro Bengala Freire, que desde os primeiros tempos do curso me fez tomar um gosto especial pela Produção de Suínos e pela própria espécie.

❖ Ao meu padrinho de curso, João Gomes, meu grande amigo, meu pilar, meu confidente desde sempre e companheiro de aventuras ao longo do curso.

❖ À minha grande amiga e companheira de congressos genéticos e caninos, Carla Cruz, por toda a amizade, ajuda, sinceridade, paciência, apoio, aconselhamento, força e motivação que nunca me faltaram ao longo deste trabalho; por me desafiarem a inovar e ajudarem a crescer e pensar mais além.

❖ À minha grande amiga açoriana, Alexandra Leal, que está sempre pronta para embarcar em novas aventuras, e por me mostrar que apesar de tudo há sempre uma luz ao fundo do túnel ou que há sempre uma solução para cada problema; pela enorme força e impulsão que me dá.

❖ À Patrícia e ao João Oliveira e Sousa, pelo apoio e acolhimento que sempre me deram; sem vocês não saberia muita coisa que sei hoje, nem tinha chegado onde cheguei.

❖ Ao Luís Santos por toda a motivação, força, apoio e prontidão em ajudar-me ao longo desta importante etapa da minha vida.

❖ Aos meus amigos e colegas de curso, Tiago Fragoso e Lígia Teixeira, que me acompanharam neste longo percurso académico e cuja amizade me é preciosa.

Sem vocês nada disto seria possível.

A todos, o meu mais sincero
obrigada

RESUMO

“Caracterização demográfica da Raça Suína Alentejana”

A manutenção da variabilidade genética de uma população é essencial à sua sobrevivência, pelo que o seu controle é frequentemente um dos objetivos dos programas de conservação/ seleção.

Neste trabalho fez-se uma caracterização demográfica da Raça Suína Alentejana (RSA), tendo como base a informação contida no Livro Genealógico da raça, com o intuito de avaliar o estado da diversidade genética e identificar os fatores que a condicionam. A análise incidiu num total de 371 112 animais, nascidos entre 2003-2010, onde 6 993 animais são fundadores, vindos de 294 explorações. Avaliaram-se parâmetros como o intervalo entre gerações, o tamanho efetivo da população, a consanguinidade e o grau de parentesco.

O intervalo médio entre gerações estimado foi de 2.17 anos e o tamanho efetivo da população de 28.01 animais. A consanguinidade média da raça foi de 2.27%, com uma taxa anual de 0.56%, e 17.85% dos animais demonstram ser consanguíneos. O grau de parentesco médio intra-exploração foi de 17.29%

A maior perda de diversidade genética resulta de um aumento acentuado e preocupante da consanguinidade ao longo dos anos, que se não for travado, atingirá na raça Alentejana valores incompatíveis com níveis de produção aceitáveis e com a desejável manutenção da diversidade genética.

Palavras-chave: Análise de pedigree, Consanguinidade, Diversidade Genética, Estrutura demográfica, Probabilidade de origem dos genes, Raça Suína Alentejana

ABSTRACT

“Demographic analysis of the Alentejano pig breed”

Once the genetic diversity of a population and its maintenance play a very important role in a species' survival, it must be maintained by conservation and controlled by selection programmes.

This study consists on the genetic characterization of Alentejano pig breed (RSA) through demographic analysis based on the information existing in the breed's pedigree database, in order to assess its genetic diversity and identify the main causes of its loss.

Some parameters like generation interval, effective population size, inbreeding level and average relatedness were studied. The analyses focused on 371 112 animals, born between 2003-2010 in 294 farms, 6993 of which were founders.

The average generation interval estimated was 2.17 years and the effective population size was 28.01 animals. The average inbreeding was 2.27%, with a yearly rate of 0.56%, and 17.85% of the animals were inbred. The average relatedness in animals in the same farm was 17.29%.

The major cause of genetic diversity loss was a sharp increase in inbreeding over time. If nothing is done to reduce this rate inbreeding, the Alentejano pig breed will soon be reaching a point where it will not be possible to keep acceptable levels of productivity and maintain a desirable genetic diversity.

Keywords: Genetic diversity, Demographic structure, Inbreeding, Pedigree analysis, Probability of gene origin, Raça suína Alentejana

ÍNDICE

INTRODUÇÃO.....	1
REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	3
1. Suínos.....	3
2. Raça Alentejana	5
2.1) Breves referências históricas.....	5
2.2) Características morfológicas da Raça	7
2.3) Modo de produção	9
2.4) Produtos certificados.....	13
3. Análise Demográfica	17
MATERIAIS E MÉTODOS	21
1. Informação disponível e validação dos dados	21
2. Anomalias na informação genealógica	21
3. Parâmetros utilizados.....	22
RESULTADOS	26
1. Distribuição e evolução dos registos	26
2. Características reprodutivas.....	31
3. Idade dos reprodutores	34
3.1) Distribuição etária.....	34
3.2) Intervalo de gerações (População total)	34
4. Genealogias.....	35
4.1) Número de gerações conhecidas	35
4.2) Grau de preenchimento de Genealogias	35
5. Formas de acasalamento	37
5.1) Acasalamentos consanguíneos.....	37
5.2) Rotatividade de animais entre explorações	37
6. Consanguinidade e parentesco	39
6.1) Consanguinidade individual.....	39
6.2) Parentesco e relação entre explorações.....	41
6.3) Gerações equivalentes e índice de conservação genética	44
6.4) Evolução no tempo.....	45
7. Influência das principais explorações	46
8. Contributo de fundadores e ascendentes para a população atual	49
DISCUSSÃO.....	51
CONCLUSÃO	61
BIBLIOGRAFIA.....	62

LISTA DE FIGURAS

	Página
Figura 1 – Classificação filogenética do javali selvagem Euro-Asiático.....	4
Figura 2 – Porco Alentejano em montado.	8
Figura 3 – Composição química da bolota, lande e ração.....	13
Figura 4 – Área geográfica de produção da carne de porco alentejano DOP	15
Figura 5 - Área geográfica de produção presunto e paleta do Alentejo DOP	16
Figura 6 - Evolução do número de criadores por ano.....	27
Figura 7 - Evolução do número de leitões por ano de nascimento.....	27
Figura 8 - Evolução do número de varrascos utilizados por ano.	28
Figura 9 - Evolução do número de porcas utilizadas por ano.....	28
Figura 10 – Distribuição do número de porcas por criador/ano.	29
Figura 11 – Distribuição do número de varrascos por criador/ano.	30
Figura 12 – Distribuição do número de criadores por dimensão da exploração.	30
Figura 13 - Distribuição mensal dos leitões nascidos.....	31
Figura 14 – Distribuição do número de descendentes por varrasco.....	32
Figura 15 - Distribuição do número de descendentes por porca.	32
Figura 16 - Longevidade dos varrascos em anos.....	33
Figura 17 - Longevidade das porcas em anos.	33
Figura 18 - Distribuição etária dos pais.	34
Figura 19 - Número de gerações equivalentes por ano.....	35
Figura 20 - Grau de preenchimento de genealogias da população de referência.....	36
Figura 21 - Distribuição da consanguinidade na população total.....	40
Figura 22 - Distribuição da percentagem de consanguinidade (nos indivíduos consanguíneos).	40
Figura 23 - Consanguinidade média por exploração (%).....	41
Figura 24 – Distribuição do parentesco médio intra-exploração (%).	42
Figura 25 - Distribuição do número de explorações com que cada exploração se relaciona	43
Figura 26 - Distribuição da relação média de parentesco entre explorações (%).	43
Figura 27 – Evolução do Índice de Conservação Genética (GCI) médio por ano.....	44
Figura 28 - Consanguinidade média (%) por ano.	45
Figura 29 - Contribuição individual das explorações na população referência.	47
Figura 30 – Número de explorações fornecedoras (itálico e negrito), número de explorações fornecedoras efetivas (itálico) e explorações exclusivamente adquirentes (negrito) de pais, avôs e bisavôs na raça suína Alentejana.....	48
Figura 31 - Contribuição dos fundadores e ascendentes na população total.....	50
Figura 32 - Contribuição dos fundadores e ascendentes na população referência.....	50

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1 – Evolução dos efetivos de suínos alentejanos entre 1849 e 1955.	5
Tabela 2 – Tabela com análise química da erva apanhada sob coberto do montado (% MS).	11
Tabela 3 – Composição química da bolota (% do descorticado).	12
Tabela 4 – Composição em ácidos gordos da bolota em % de gordura (média \pm epm).	12
Tabela 5 – Composição em ácidos gordos da bolota como % da gordura e como % do alimento.	12
Tabela 6 - Quadro com uma listagem dos produtos certificados obtidos a partir da produção de porco Alentejano.	14
Tabela 7 – Resumo de alguns erros nos registos de paternidades na base de dados da Raça Suína Alentejana.	22
Tabela 8 - Resumo da informação registada (animais nascidos entre 1/1/2003 e 31/12/2010).	26
Tabela 9 - Intervalo de gerações médio na população total, com os respetivos tipos de ligações e desvio padrão.	34
Tabela 10 – Tipos de acasalamentos consanguíneos com a respetiva frequência absoluta e percentagem do total.	37
Tabela 11 – Classificação das explorações em função da utilização de machos vindos do exterior, utilização de machos próprios, venda dos machos ao exterior.	38
Tabela 12 – Percentagem de animais consanguíneos, consanguinidade média (%), parentesco médio (%), número de gerações equivalentes, tamanho efetivo da população (N_e) e do índice de conservação genética, na população total e referência. ..	39
Tabela 13 – Parentesco médio (%) consoante a exploração de origem dos animais.	41
Tabela 14 – Variações anuais da percentagem de animais consanguíneos, da consanguinidade média (F em %), do parentesco médio (a_{ij} em %), do número de gerações equivalentes (EqG) e do índice de conservação genética (GCI).	44
Tabela 15 – Diferentes valores do tamanho efetivo da população (N_e) obtidos consoante as diferentes taxas de consanguinidade por geração (ΔF em %).	45
Tabela 16 – Resumo do número total (fundadores, ascendentes e explorações fundadoras), número efetivo (fundadores, ascendentes, explorações fundadoras e genomas fundadores) e do número de animais que explica 50% do património genético (fundadores, ascendentes e explorações fundadoras), quer na população total, quer na população de referência.	46
Tabela 17 – Grau de preenchimento de genealogias (%) na população referência da Raça Suína Alentejana (RSA), Duroc (DC) e Landrace (LR).	52
Tabela 18 – Intervalo de gerações médio na Raça Suína Alentejana (RSA), Raça Malhado de Alcobaça (MA), Raça Bísara (RB), Pietrain (PI), Duroc (DC) e Landrace (LR).	53
Tabela 19 – Resumo da % de animais consanguíneos, consanguinidade média (%), grau de parentesco médio (%): RSA e MA, na população referência.	54
Tabela 20 – Tamanho efetivo e taxa de consanguinidade por geração na raça suína Alentejana (RSA), Malhado de Alcobaça (MA), Lacombe (LC), Hampshire (HP), Duroc (DC) e Landrace (LR).	56
Tabela 21 – Resumo do número de total e efetivo de fundadores (N_f e N_{ef}), número de total e efetivo de ascendentes (N_a e N_{ea}), número efetivo de genomas fundadores (N_{eg}) e número de fundadores e ascendentes que contribuem para 50% do património genético (N_{f50} e N_{a50}) nas raças suínas autóctones e nas raças estrangeiras (DC e LR), bem como os rácios N_{ef}/N_f , N_{ef}/N_{ea} e N_{eg}/N_{ef} , na população referência.	58

ABREVIATURAS

ACPA – Associação de Criadores de Porco Alentejano
AECERIBER – Asociación Española de Criadores de Cerdo Ibérico
 a_{ij} – Grau de parentesco entre indivíduos
ANCPA – Associação Nacional de Criadores de Porco Alentejano
DC – Duroc
DOP – Denominação de origem protegida
EqG – Número de gerações equivalentes
 \bar{F} - Coeficiente de consanguinidade média
 F_i – Coeficiente de consanguinidade individual
 ΔF_i – Taxa de consanguinidade individual
 $\Delta F/g$ – Taxa de consanguinidade por geração
GCI – Índice de Conservação Genética
HP - Hampshire
IGP – Indicação Geográfica Protegida
L – Intervalo entre gerações médio (anos)
LC - Lacombe
LG – Livro Genealógico
LR – Landrace
MA – Malhado de Alcobaça
 N_a – Número total de ascendentes
 N_{a50} – Número de ascendentes que explicam 50% do património genético
 N_e – Tamanho efetivo da população
 N_{ea} – Número efetivo de ascendentes
 N_{exp} – Número efetivo de explorações
 N_{ef} – Número efetivo de fundadores
 N_{eg} – Número efetivo de genomas fundadores
 N_{exp} – Número de explorações
 N_{exp50} – Número de explorações que explicam 50% do património genético
 N_f – Número total de fundadores
 N_{f50} – Número de fundadores que explicam 50% do património genético
PAC – Política Agrícola Comum
PI - Pietrain
PSA – Peste Suína Africana
 p_k – Contributo dos ascendentes na população de referência
 q_k – Contributo dos fundadores na população de referência
RB – Raça Bísara
UNIAPRA - União das Associações de Criadores do Porco de Raça Alentejana

INTRODUÇÃO

A dinâmica de uma população traduz a influência dos diversos fatores que condicionam o seu censo, variabilidade genética, estrutura populacional, fluxo de genes do exterior, afunilamentos ao longo do tempo, etc. (Li, Strandén & Kantanen, 2009) e o estudo da demografia de uma raça é considerado um bom indicador da variabilidade genética existente e uma metodologia fundamental para a sua manutenção a longo prazo (Boichard, Maignel & Verrier, 1997, Carolino & Gama, 2008, Vicente, Carolino & Gama, 2012).

Dependendo do objetivo prioritário, torna-se necessário estabelecer para cada população de animais um programa de conservação ou melhoramento genético, ainda que em qualquer dos casos a manutenção da variabilidade genética seja um objectivo fundamental. A avaliação da diversidade genética pode ser feita por marcadores genéticos, onde os microssatélites têm predominado, e/ou através da análise demográfica da população, com base na informação genealógica existente (Toro, Meuwissen, Fernández, Shaat & Mäki-Tanila, 2011).

O principal objetivo da análise demográfica de uma população é estudar a sua estrutura racial e identificar estrangulamentos que possam comprometer a variabilidade genética existente, como forma de minimizar o aumento da consanguinidade nas populações, e a consequente erosão genética. Para este efeito consideram-se alguns parâmetros como a evolução da consanguinidade, o tamanho efetivo da população ou a representatividade de ascendentes e fundadores no património genético da população, avaliando assim a existência de desequilíbrios nas contribuições genéticas e/ou a ocorrência de possíveis afunilamentos que condicionem a variabilidade genética da raça (Gama, 2006).

Até aos anos 50 do século passado, a produção de suínos era feita fundamentalmente como um complemento da atividade agrícola (Freitas, 2006) e baseava-se apenas na exploração de duas raças autóctones: Bísara e Alentejana (Fernandes, Freitas & d'Abreu, 2008).

No entanto, a partir do final dos anos 50 e até ao início da década de 90 assistiu-se à diminuição dos efetivos de porco Alentejano e ao abandono do sistema de montanha. Isto ocorreu, por um lado devido à alteração dos hábitos alimentares (com redução do consumo de gordura animal), reduzido interesse na indústria da salsicharia e êxodo rural, mas sobretudo devido à ocorrência da Peste Suína Africana (PSA), que dizimou os efectivos de porco Alentejano explorados de forma extensiva (Frazão, 1984), e cujo o último surto ocorreu na década de 80. A intensificação da produção que ocorreu desde então levou ao abandono da raça suína Alentejana, que viria a ser substituída por raças exóticas exploradas intensivamente.

Mais tarde, no princípio dos anos 90, começaram a registar-se alterações com a reforma da Política Agrícola Comum (PAC), que estimulou a reintegração das componentes

agrícolas, ambiental e rural dos sistemas de produção, favorecendo assim a recuperação do Porco Alentejano. Nessa altura, foram concedidos apoios financeiros à raça, e os produtores organizaram-se na União das Associações de Criadores do Porco de Raça Alentejana (UNIAPRA), entidade que fica responsável pela gestão do Livro Genealógico da raça (LG) . Alguns anos depois, é reconhecida a certificação de produtos do porco Alentejano com as Denominações de Origem e/ou Indicação Geográfica – DOP e IGP, respectivamente (Freitas (a), s.d.), o que viria a contribuir para a sua valorização económica.

Atualmente existem vários produtos certificados que se podem obter pela produção de porco Alentejano, nomeadamente os DOP, como a Carne de porco Alentejano, Presunto e paleta do Alentejo e Presunto e paleta de Barrancos, e 25 produtos IGP.

Nos dias de hoje, a via de maior relevância para escoar a produção do porco Alentejano é o mercado espanhol (Badajoz e Cáceres), em que os presuntos e paletas são particularmente valorizados (Faustino & Oliveira, 2012).

Neste trabalho utilizou-se a informação genealógica disponível na base de dados da raça suína Alentejana para estudar a evolução da variabilidade genética e os fatores que a condicionam, no sentido de estabelecer estratégias mais adequadas para a manutenção da diversidade genética a longo prazo.

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1. Suínos

Os Suínos estão inseridos na classe *Mammalia*, mais concretamente na ordem *Cetartiodactyla*, onde estão incluídos todos os animais com um número par de dedos ungulados, (Murphy *et al.*, 2001, citado por Ruvinsky, Rothschild, Larson, Gongora, 2011). Crê-se que, há cerca de 87.2 milhões de anos, a ordem *Cetartiodactyla* divergiu e apresenta atualmente quatro sub-ordens muito bem definidas (Price *et al.*, 2005, O'Leary e Gatesy, 2008, Huffman, 2009, citados por Ruvinsky *et al.*, 2011):

- ❖ *Ruminantia*;
- ❖ *Tylopoda*: inclui os camelos e os lamas;
- ❖ *Cetancodonta*: a mais recente sub-ordem criada, incluindo os hipopótamos, golfinhos e baleias;
- ❖ *Suiformes* (também designados por Suína): a que pertencem os porcos e os pecaris.

Na sub-ordem dos *Suiformes* existem duas grandes famílias:

- ❖ *Tayassuidae*: com três géneros, cada um composto com uma espécie;
- ❖ *Suidae*: é nesta que se encontram os porcos. Está repartida por seis géneros, com 18 a 19 espécies bastante distribuídas pelo Sudeste Asiático, Europa e África.

A família *Suidae* é referida como sendo a que tem mais espécies não-ruminantes espalhadas em diversas partes do mundo; estes animais são omnívoros, de estômago simples e possuem dois pares de dedos ungulados, focinho alongado, em forma de disco, extremidades bem desenvolvidas e dentes caninos grandes e curvos na arcada superior da boca (Ducroq *et al.*, 1998, Liu, 2003 citados por Ruvinsky *et al.*, 2011).

Crê-se que a origem da extensa família dos Suínos remonte há cerca de 35-40 milhões de anos atrás, ou mesmo mais, no Eoceno superior (Chaimanee *et al.*, 1998; Liu, 2003 citados por Ruvinsky *et al.*, 2011). Esta família, representada por pelo menos 15 espécies, agrupa-se nos seguintes géneros:

- ❖ *Sus spp.* (porcos domésticos e selvagens), da Eurásia;
- ❖ *Porcula spp.* (porcos pigmeus), do Norte da Índia;
- ❖ *Babirusa spp.* (babirusa), da ilha de Sulawesi e das suas ilhas satélites;
- ❖ *Potamochoerus spp.* (porco do rio), *Phacochoerus spp.* (javali comum e o javali do deserto) e *Hylochoerus spp.* (porco selvagem) da África sub-sahariana.

O género *Sus* engloba cerca de 7 espécies, entre as quais se encontra o *Sus scrofa* - o javali selvagem Euro-Asiático (Figura 1), que é considerado o ascendente primário dos porcos domesticados (Ruvinsky, Rothschild, Larson & Gongora, 2011).

A sua capacidade de adaptação tão flexível perante diferentes condições climáticas e de alimentação foi um fator que em muito contribuiu para a evolução do javali selvagem. Este apresenta uma capacidade termoreguladora bem desenvolvida, ao ponto de conseguir suportar variações de temperaturas desde os -50°C aos $+50^{\circ}\text{C}$, como é o caso dos Invernos Siberianos, condições tropicais, montanhas e semi-desertos (Choquenot *et al.*, 1996, citado por Ruvinsky *et al.*, 2011).

A domesticação dos suínos ocorreu no Crescente Fértil e no extremo Oriente, expandindo-se a partir daí com as migrações humanas (Larson *et al.*, 2005), vindo posteriormente a dar origem às raças domésticas actualmente conhecidas.

Presentemente, existem três raças suínas autóctones reconhecidas em Portugal: a Bísara e a Alentejana, consideradas como fora de perigo, e o Malhado de Alcobaça, considerado em estado crítico .

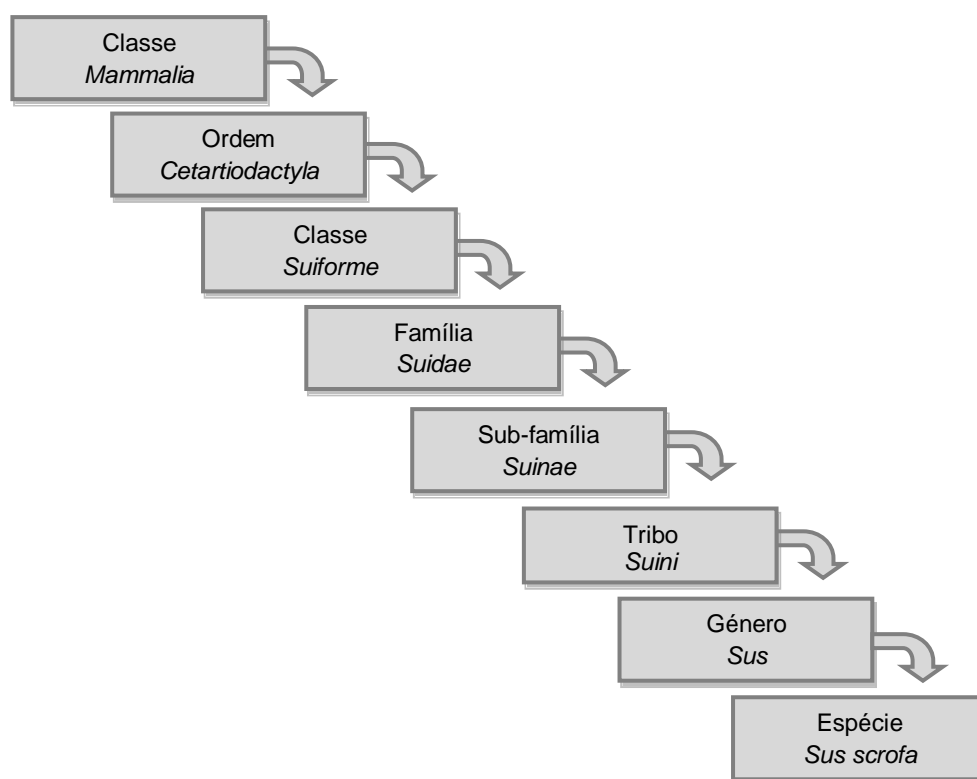


Figura 1 – Classificação filogenética do javali selvagem Euro-Asiático.

2. Raça Alentejana

2.1) Breves referências históricas

Até aos anos 50 do século passado a produção de suínos em Portugal era feita fundamentalmente como um complemento da atividade agrícola (Freitas, 2006) e baseava-se somente na exploração de duas raças autóctones: Bísara e Alentejana (Fernandes *et al.*, 2008).

A raça Bísara, predominante nas regiões do Norte do Tejo e explorada para auto consumo, existia em efectivos de pequena dimensão, permanentemente estabulados e alimentados com sub-produtos da exploração agrícola e de restos de cozinha. Por outro lado, nos distritos de Évora, Beja e Portalegre, no sul dos distritos de Santarém e de Setúbal e, em algumas regiões dos distritos de Castelo Branco e Leiria, predominava a raça suína Alentejana, cuja criação e engorda decorria nos montados de sobro e azinho. Esta última raça em especial destinava-se ao abastecimento das populações e das oficinas artesanais de produção de enchidos e presuntos com carne fresca e salgada.

Carlos Bonnet, em 1849, fez uma primeira estimativa do efectivo suíno no Alentejo no qual referia a existência de 236 118 animais. Por volta de 1870 existiam 207 228 suínos registados no Recenseamento Geral dos Gados no Reino de Portugal; em 1940 e 1955 existiam 375 601 e 399 458 animais, respetivamente (Tabela 1) (Freitas (a), s.d.).

O porco Alentejano, explorado em regime extensivo e integrado num complexo agro-silvo-pastoril bem definido, valorizando os recursos alimentares naturais, ocupou até à década de 50 do século passado (Freitas, 2006) um lugar de destaque na economia do país, por ser o principal factor na produção, comércio e industrialização de porco em Portugal (Freitas (a), s.d.).

Tabela 1 – Evolução dos efetivos de suínos Alentejanos entre 1849 e 1955. Tabela retirada de Freitas (a) (s.d.).

Ano	Efetivo
1849	236 118
1870	207 228
1925	309 673
1940	375 601
1955	399 458

No entanto, a partir do final dos anos 50 e até ao início da década de 90 assistiu-se ao decréscimo acentuado do efectivo de porco Alentejano e ao abandono do sistema de montanha. Por um lado, isto ocorreu devido ao desenvolvimento da suinicultura intensiva,

que se baseia na utilização de raças de produção intensiva, na utilização massiva de alimentos compostos e por outro lado, devido à alteração dos hábitos alimentares e ao reduzido interesse na indústria da salsicharia, em conjunto com o êxodo rural (Fernandes *et al.*, 2008). Mas, por outro lado, terão sido os surtos sucessivos de Peste Suína Africana (PSA) que, até à década de 80, dizimaram os efectivos de porco Alentejano explorados de forma extensiva (Frazão, 1984), e levaram ao abandono da raça suína Alentejana, que viria a ser substituída por raças exóticas exploradas intensivamente (Gama, 2006).

A partir de 1990 a fileira produtiva do porco Alentejano registou grandes alterações, de tal forma que para se salvaguardar os efectivos ainda existentes e para evitar a extinção da raça foram concedidos apoios financeiros. Estes apoios abrangiam também a recuperação dos montados e a reintrodução do porco de montanha. Entretanto, os produtores organizaram-se em associações, Associação de Criadores de Porco Alentejano (ACPA) e Associação Nacional de Criadores de Porco Alentejano (ANCPA), e, em 1992, dá-se a sua união, dando assim origem à União de Associações (UNIAPRA), que ficou responsável pela gestão do Livro Genealógico (LG) da raça (Fernandes *et al.*, 2008).

Também em 1992, com a reforma da Política Agrícola Comum (PAC) volta a haver incentivos para a reintegração das componentes agrícola, ambiental e rural dos sistemas de produção. Esta medida teve um impacto tal que se assistiu a um aumento significativo das explorações suínas por toda a Europa, nomeadamente dos sistemas tradicionais de produção de suínos baseados na utilização de raças autóctones de cada país (Alentejano, Ibérico e Corso) e no aproveitamento de recursos alimentares naturais, visando a produção de produtos transformados de elevada qualidade, que outrora tinham sido marginalizados e que readquiriram importância (Freitas, 2006).

O fato de se ter começado a garantir junto dos consumidores a genuinidade e qualidade dos produtos pela proteção e certificação da carne e dos produtos transformados através do uso de Denominação de Origem Protegida (DOP) e/ou Indicação Geográfica Protegida (IGP), fez com que a sua procura aumentasse. Assim, foi possível haver uma melhoria e uma expansão de um segmento de mercado de qualidade superior, levando ao desenvolvimento do sector da transformação e assistindo-se à abertura de novas unidades industriais de fabrico de presuntos e enchidos.

Nos últimos anos tem-se assistido à consolidação e expansão da fileira do porco Alentejano, tendo-se registado mudanças assinaláveis a nível da produção, transformação e comercialização. Estas alterações permitiram que a produção extensiva de porco Alentejano deixasse de ser uma actividade incerta destinada ao mercado das matanças caseiras e dos leitões para assar, para passar a ser uma actividade organizada, vocacionada para a produção de carne e de produtos transformados de elevada qualidade (Freitas (a), s.d.).

2.2) Características morfológicas da Raça

O porco suíno Alentejano, é considerado um animal bastante rústico, facilmente adaptável às condições em que é criado e que possui uma capacidade muito própria de utilizar e valorizar os recursos naturais, como é o caso das ervas dos pousios e das pastagens, os restolhos dos cereais e, principalmente, os frutos e as pastagens dos montados de azinho e sobro (Freitas (b), s.d.).

A sua constituição genética deriva do *Sus mediterraneus* (Frazão, 1984), o javali do Sul, mas que por ter sofrido algumas pressões, como o tempo de adaptação ao ambiente do mediterrâneo, a domesticação, a cultura e hábitos alimentares dos povos do Sul e da região Ibérica, deu origem ao porco Alentejano que se conhece nos dias de hoje (Tirapicos, 2002 citado por Silva, 2003).

Pode dizer-se que a raça suína alentejana (Figura 2) possui algumas características muito próprias :

- ❖ (...) Tipo: corpulência médio-pequena, esqueleto aligeirado, grande rusticidade e temperamento vivo;
- ❖ Pele: preta ardósia, com cerdas raras, finas, de cor preta ou ruiva;
- ❖ Cabeça: comprida e fina de ângulo fronto-nasal pouco acentuado, orelhas pequenas e finas, de forma triangular, dirigidas para a frente e com a ponta ligeiramente lançada para fora;
- ❖ Pescoço: de comprimento médio e musculado;
- ❖ Tronco: região dorso lombar pouco arqueada, garupa comprida e oblíqua, ventre descaído, cauda fina de média inserção e terminada com um tufo de cerdas;
- ❖ Membros: de comprimento médio, delgados e bem aprumados, terminando por pés pequenos e de unha rija;
- ❖ Andamentos: ágeis e elásticos;
- ❖ Características Sexuais: macho com testículos bem salientes e medianamente volumosos; Fêmea com mamilos em número não inferior a cinco de cada lado (ANCPA, 2013).



Figura 2 – Porco Alentejano em montado (imagem retirada de: http://ancpa.suinicultura.com/?page_id=64 , última consulta em: 26-04-2013)

Além disso, de acordo com a ACPA, pode ainda dividir-se a raça Suína Alentejana em quatro variedades:

- ❖ (...) *Lampinha*: caracteriza-se por ter cerdas curtas, finas e escassas na superfície do corpo; pele delgada e de cor negra; cabeça bem proporcionada ao desenvolvimento do corpo, com ângulo fronto-nasal pouco pronunciado, orelhas de tamanho médio, dirigidas quase horizontalmente para a frente ou um pouco caídas, mas sem dificultar a vista no pastoreio; papada pronunciada especialmente nos animais de engorda, apresentando ainda um abdómen de desenvolvido proporcionado, geralmente descaído em especial nos animais acabados (engorda);

- ❖ *Ervideira*: animais de cor ruiva /acastanhada, com cabeça e orelhas sensivelmente mais pequenas do que a variedade negra, pescoço largo, não apresentando pregas na pele; abdómen menos volumoso, com linha dorso-lombar próxima de retilínea ou ligeiramente arqueada em função do tórax, com costelas menos arqueadas relativamente às outras variedades;

- ❖ *Caldeira*: animais de cor preta, com cabeça e orelhas de tamanho médio, sendo estas últimas ligeiramente dirigidas para a frente, pescoço bem unido à cabeça, apresentando ou não papada pouco desenvolvida; tórax com costelas arqueadas, dorso e lombo retos, bastante musculados; extremidades finas que proporcionam marcha firme sem claudicações; é uma variedade mais prolífica e com melhor velocidade de crescimento;

- ❖ *Mamilada*: Caracterizam -se pela cor da pele cinzenta ardósia ou ruiva, com cerdas pretas ou ruivas, curtas finas e escassas em toda a superfície do corpo, com cabeça e orelhas de tamanho médio, dirigidas para frente e com as pontas triangulares viradas

ligeiramente para cima, ângulo fronto-nasal pronunciado e focinho pontiagudo, pescoço bem ligado ao corpo e por vezes com pregas na pele, papada pouco pronunciada e com mamilos uni ou bilateral (característica da variedade), tórax com costelas arqueadas e musculadas e abdómen com desenvolvimento normal, região dorsal retilínea e lombo descaído com inserção média-baixa da cauda, membros com extremidades finas e unhas pretas e rijas; temperamento vivaço, verdadeiros trepadores, dado que são muito equilibrados de aprumos, podendo percorrer longas distâncias em terrenos acidentados e zonas de serra (ACPA, 2013).

2.3) Modo de produção

A prática do sistema de produção do porco em Montanheira, já referida por relatos históricos desde o século XII e XIII, não deixa muitas dúvidas quanto à sua persistência na Península Ibérica, especialmente no Alentejo, onde a criação de porcos em montado se fazia “por haver muita lande em montanheiras e azinhais” (Freitas (b), s.d.).

Do sistema tradicional de produção como é a montanheira, fazia parte a relação simbiótica entre o sistema agro-silvo-pastoril bem definido e a engorda intensiva dos animais, no montado de azinho (*Quercus rotundifolia*) e sobro (*Quercus suber*) (Fernandes *et al.*, 2008). Além disso, nas regiões povoadas de soutos podia-se também encontrar a produção de suínos à base de castanha, apesar de isto ser pouco frequente (Nunes, 2007).

Tradicionalmente, em grande parte das explorações, faziam-se duas épocas de parição principais:

- ❖ Primavera (Março-Maio), chamada de erviça;
- ❖ Outono (Setembro-Novembro), chamada de outoniça ou montanheira.

No entanto, podia também haver partos em Janeiro e Julho, chamados de janeirinha e veraniça/espiguenha (Freitas (b), s.d.).

Na época da erviça, a alimentação dos leitões era feita à base de erva enquanto na outoniça era à base dos recursos existentes no montado. Os porcos criados em montanheira eram orientados predominantemente para a produção de matéria prima destinada à produção de presuntos, tanto em Portugal como em Espanha (Freitas, 2006).

Os montados Alentejanos são muito peculiares pelo facto de neles predominarem extensas superfícies de fraco declive, de solos pobres ou muito pobres, fortemente degradados, e por haver uma irregularidade das condições climáticas (Freitas, Nunes, Neves & Charneca, 2003.).

A pastagem constituía o principal recurso das porcas; elas saíam de manhã para pastorear e regressavam por volta do meio-dia para amamentar os leitões durante, pelo menos uma hora, voltando a sair para regressarem à noite. Apesar da prática deste tipo de alimentação ser normal, podia haver uma suplementação com grãos de cereais (cevada,

aveia ou milho), algumas leguminosas (gramicha, fava ou grão preto), restos da apanha da azeitona, bagaço de azeitona, restolhos ou farelos de cereais (Freitas (b), s.d.).

Os leitões, que nasciam com um peso vivo de cerca de 1.1 -1.3 kg (Freitas (a), s.d.), ingeriam apenas leite materno até aos 20-25 dias de idade, passando depois a alimentar-se de quantidades crescentes de grãos de cevada, até atingirem os 400 gramas de ração por leitão (Frazão, 1965, citado por Freitas(a), s.d.), por volta do mês, a mês e meio, quando começavam a sair para a pastagem (Fernandes *et al.*, 2008), acabando por formar o alfeire (Vacas, 1944, citado por Freitas, 2006).

No modo de criação dos animais erviços utilizava-se, além dos grãos de cevada, grãos de centeio, enquanto que na produção de animais outoniços se distribuía bolota, pisada por volta das 4-5 semanas, e inteira, quando os leitões já a conseguiam partir (Freitas (b), s.d.).

O desmame era feito por volta dos dois meses de idade, com um peso vivo de 10 – 14 kg, procedendo-se à recria no espaço de tempo de um mês, de tal forma que os animais entravam na fase de crescimento com cerca de 25 kg de peso vivo (Freitas (a), s.d.).

Por volta dos três meses ou pouco mais tarde, na fase de crescimento, procedia-se à castração dos animais, à excepção dos varrascos e marrãs escolhidos para a criação (Vacas, 1944 e Frazão, 1965 citado por Freitas, 2006). Nesta fase os animais eram divididos para abate ou então para a entrada em montanha. Em alguns casos, nos animais que se destinavam à entrada em montanha era frequente fazer uma pré-montanha, entre Julho e Outubro, que antecedia à entrada dos animais nos montados (Freitas (a), s.d.).

A montanha tradicional consiste na engorda de porcos com 14 a 18 meses de idade, em regime de pastoreio durante o Outono e Inverno. A engorda tardia, fortemente amilácea, chega a favorecer aumentos de pesos das carcaças até cerca de 120 a 140 kg (Nunes, 2007).

Caso a alimentação fosse deficiente, em quantidade e qualidade, no período que antecedia a montanha, a engorda feita à base de bolotas e erva, fortemente energética, possibilitava a obtenção de grandes ganhos médios diários. Por um lado, a bolota ou a lande constituíam uma fonte energética fundamental (Freitas (b), s.d.) e por outro, a erva servia como fonte de proteínas, ácidos gordos e vitaminas (Nunes, 2007), tal como é demonstrado na tabela 2. Neste ponto, a erva adquire uma grande importância, já que ajuda na redução da toxicidade dos taninos da bolota e na neutralização parcial da sua adstringência, permitindo assim maiores níveis de ingestão e ganhos de pesos mais elevados (Freitas (b), s.d.).

Tabela 2 – Tabela com análise química da erva apanhada sob coberto do montado, em percentagem da Matéria seca (Nunes ,2007).

Constituinte da erva (% na Matéria Seca)					
	Lopez Bote, 2002	Aparicio Macarro, 1992	Ruiz, 1993	Oliveira, 2000	Rey et al., 1997
Matéria Seca (MS)	22.7	23.0	26.0	14.7	26.3
Cinzas	9.5	9.1	7.0	15.22	7.3
Proteína Bruta (PB)	14.9	15.0	15.5	15.49	13.7
Fibra Bruta (FB)	21.2	25.0	22.0	20.29	22.2
Lípidos totais	3.8	3.5	6.0	1.97	6.2
Alfa-tocoferol mg/kg MS	-				171
C 16: 0 (% na gordura)	-	-	15.6	13.7	15.5
C 16: 1 (% na gordura)	-	-	0.3	0.05	0.3
C 18: 0 (% na gordura)	-	-	2.0	2.55	2.0
C 18: 1 (% na gordura)	-	-	9.4	41.20	9.3
C 18: 2 (% na gordura)	-	-	11.8	11.31	11.8
C 18: 3 (% na gordura)	-	-	44.9	6.98	44.0

Estima-se que o consumo diário de bolota na época de montanha seja de 5-6 kg para os animais com 50-70 kg de peso vivo (PV), 8 kg para os de 70-90 kg de PV e cerca de 9 kg a partir dos 90 kg de PV, de tal forma que se considera plausível o facto de um porco Alentejano precisar de cerca de 10 kg de bolota para ganhar 1 kg de PV (Freitas (b), s.d.).

Os porcos Alentejanos acabados em montanha, apresentam elevado teor de gordura intramuscular (Freitas (c), s.d.) e um perfil de ácidos gordos (ácido oleico e ácido linoleico) muito característico, conferido pelo alto consumo de bolota e pela sua composição específica (tabelas 3, 4 e 5).

Tabela 3 – Composição química da bolota, em percentagem do descorticado (Nunes ,2007).

Constituinte da bolota (% do descorticado)										
PB	6.80	6.20	3.60	5.10	4.60	7.20	8.30	6.60	8.40	7.50
Gordura	10.40	8.30	10.70	11.00	6.00	7.40	8.50	13.70	7.00	5.40
Fibra	0.90	4.20	2.40	6.00	5.90	4.90	4.70	5.50	3.10	6.60
Cinzas	5.00	4.80	1.30	3.70	6.90	2.00	1.50	2.00	2.40	3.10
Autores e ano	I.Grasa Sevilla	Vieira 1966	Vidal 1969	Varela 1965	Cuenca 1965	Aparicio 1964 1965		Macarro 1969		

Tabela 4 – Composição em ácidos gordos da bolota em % de Gordura (Nunes ,2007).

Ácidos gordos (% de Gordura)	Média ± desvio padrão
Saturados	16.11 ± 1.13
Monoinsaturados	64.63 ± 1.14
Polinsaturados	17.81 ± 1.39

Tabela 5 – Composição em ácidos gordos da bolota como % da gordura e como % do alimento (Nunes ,2007).

Ácidos Gordos							
	C 14: 0	C 16: 0	C 16: 1	C 18: 0	C 18: 1	C 18: 2	C 18: 3
% de Gordura	- *	15	-	3	62	16	1.1
	0.1 **	12.23	0.40	3.16	63.46	16.96	0.76
% de Alimento	- *	0.63	-	0.12	2.62	0.68	0.05

*López Bote *et al.* (2002); ** Oliveira, A. (2000)

Almeida (1986) relata ainda teores de amido (% na Matéria Seca) na ordem dos 38-40%, para bolotas inteiras, e de 42-47%, apenas para o miolo do bolota.

A bolota e a lande apresentam diferente composição química (Figura 3) e essa diferença pode afetar alguns parâmetros avaliados nos suínos e na matéria-prima que deles resulta quando alimentados em montado de sobro ou azinho (Freitas (b), s.d.).

Atualmente, a produção que se faz conserva os traços dominantes e as características mais interessantes do sistema de produção tradicional, nomeadamente a engorda de porcos em montanha, que confere aos produtos as suas características únicas.

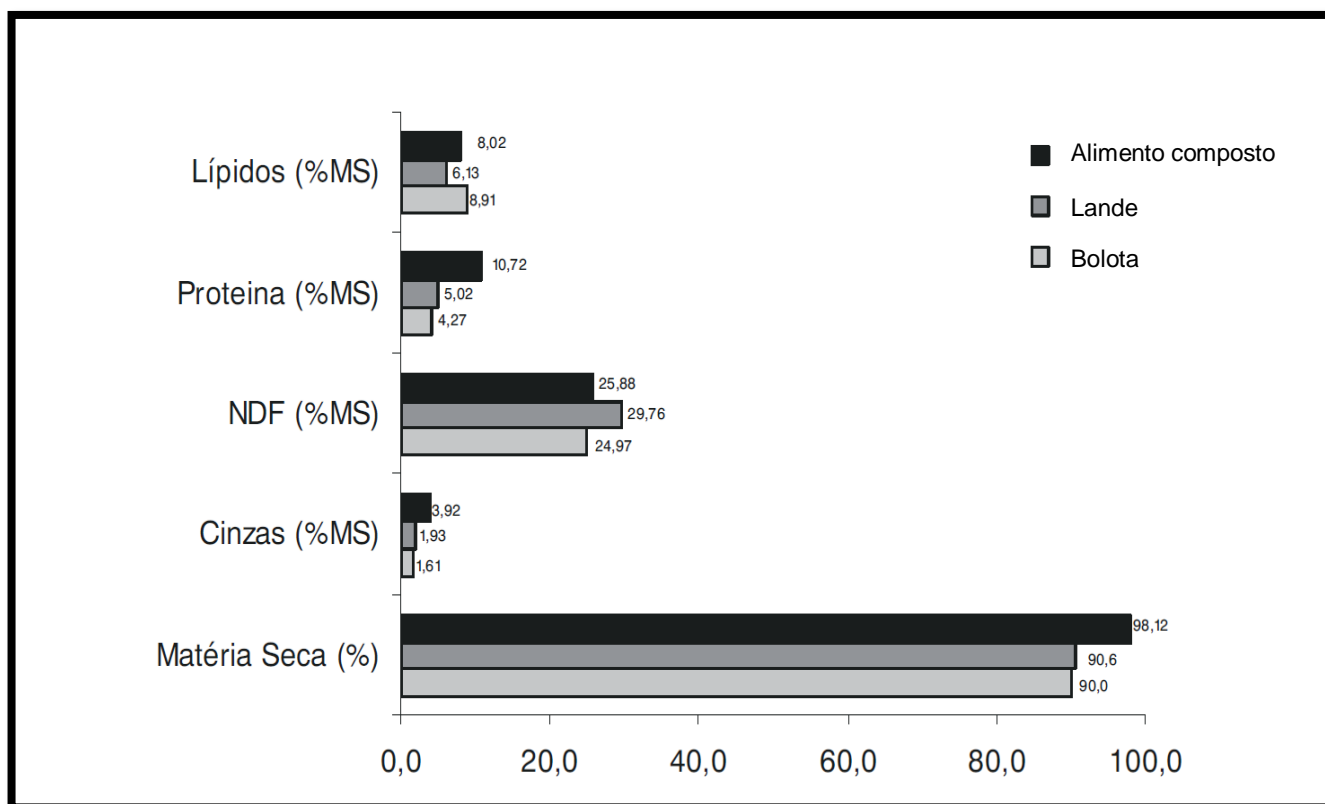


Figura 3 – Composição química da bolota, lande e do alimento composto (Nunes ,2007).

Assim, não se considera que exista um sistema de produção uniforme, uma vez que tanto as épocas de cobrição como o manejo alimentar, o peso e a idade de abate variam de exploração para exploração, em função da tradição e do destino de produção.

2.4) Produtos certificados

O pedido de proteção do nome de um produto é da responsabilidade de um agrupamento de produtores e transformadores do produto agrícola ou género alimentício cujo nome se pretende proteger. O agrupamento deve elaborar um caderno de especificações para confirmar a conformidade do produto com as condições da União Europeia e descrever todas as regras de produção. É solicitado o reconhecimento da proteção aos serviços competentes do Ministério da Agricultura que, após análise rigorosa, candidata ou não o produto à proteção prevista.

Atualmente existem cerca de 28 produtos certificados que se podem obter pela produção de porco Alentejano (Tabela 6). No caso da Carne de Porco Alentejano e Presunto e paleta do Alentejo as figuras 4 e 5 representam as respetivas áreas geográficas de produção.

Nos dias de hoje, a via de maior relevância para escoar a produção do Porco Alentejano é o mercado português e espanhol (Badajoz e Cáceres) de presuntos e paletas (Faustino & Oliveira, 2012).

Tabela 6 - Listagem dos produtos certificados obtidos a partir da produção de porco Alentejano. Retirada de Faustino & Oliveira (2012).

Produto certificado	
DOP	IGP
	Presunto e paleta de Santana da Serra
	Presunto e paleta de Campo Maior e Elvas
	Cacholeira Branca de Portalegre
	Chouriço Grosso de Estremoz e Borba
	Chouriço de Carne de Estremoz e Borba
	Chouriço Mouro de Portalegre
	Chouriço de Portalegre
	Farinheira de Estremoz e Borba
	Farinheira de Portalegre
Carne de Porco Alentejano	Linguiça do Baixo Alentejo ou Chouriço do
Presunto e paleta do Alentejo	Baixo Alentejo
Presunto e paleta de Barrancos	Linguiça de Portalegre
	Lombo branco de Portalegre
	Lombo Enguitado de Portalegre
	Morcela de Assar de Portalegre
	Morcela de Cozer de Portalegre
	Morcela de Estremoz e Borba
	Paio do lombo Estremoz e Borba
	Paia de Toucinho Estremoz e Borba
	Painho de Portalegre
	Paio de Beja
	Paio de Estremoz de Borba

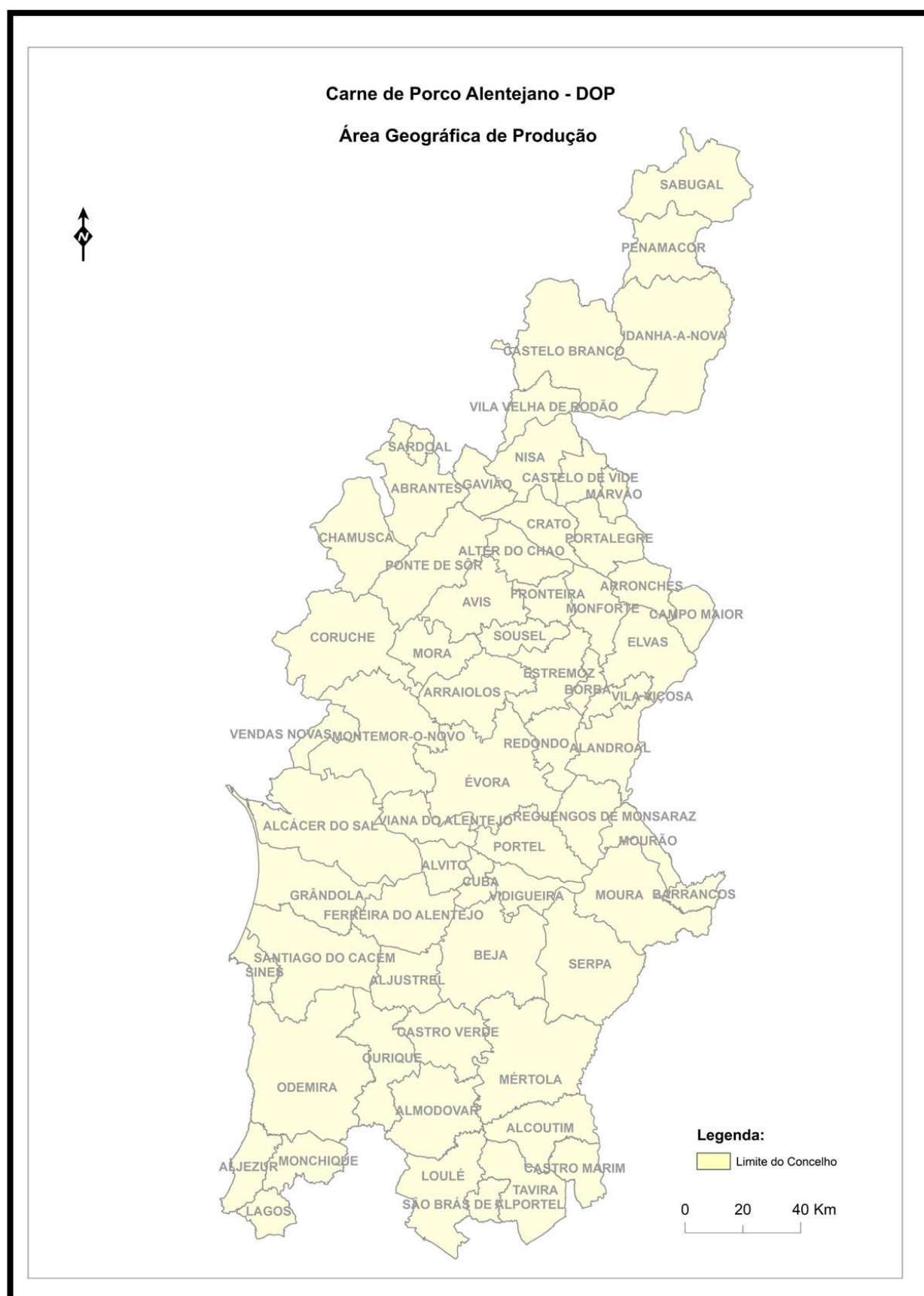


Figura 4 – Área geográfica de produção da carne de porco Alentejano DOP (imagem retirada de: <http://ptqc.drappc.min-agricultura.pt/documentos/cartogramas.htm>, última consulta em 28-04-2013).

Presunto do Alentejo e Paleta do Alentejo - DO

Área Geográfica de Produção



Figura 5 - Área geográfica de produção Presunto e paleta do Alentejo DOP (imagem retirada de: <http://ptqc.drappc.min-agricultura.pt/documentos/cartogramas.htm>, última consulta em 28-04-2013).

3. Análise Demográfica

Nos dias de hoje, uma grande parte das raças domésticas encontra-se representada por uma população muito reduzida, o que faz com que possa ocorrer um rápido aumento da consanguinidade, com as consequentes perdas de diversidade genética, o que a longo termo pode comprometer a sobrevivência das populações. A redução do fitness das populações causada pelos efeitos da depressão consanguínea é bem conhecida e uma severa redução do tamanho da população (afunilamentos genéticos) aumenta o risco de extinção (Fernandes, Malovrh, Kovac & Cadavez, 2003) e da suscetibilidade a determinadas doenças infecciosas (Narain, 2000).

A diversidade genética determina a capacidade de resposta do indivíduo às mudanças ambientais, seleção e melhoramento genético (Fernandes *et al.*, 2003), pelo que a sua manutenção é essencial ao sucesso de um programa de selecção (Toro *et al.*, 2011). A perda de diversidade genética, além de aumentar o potencial de extinção de uma raça, limita também a sua capacidade de resposta perante mudanças ambientais. As causas mais comuns para a perda da diversidade genética são as flutuações aleatórias das frequências alélicas devidas à deriva genética ou à seleção praticada, resultando na perda de alelos, ou miscigenação de genes de uma outra população introduzida (Falconer & McKay, 1996).

Dado que é a diversidade genética que permite a evolução de uma população, um dos primeiros passos a envolver na sua conservação/melhoramento é o planeamento de um esquema de desenvolvimento, independentemente do objetivo em vista, conservação ou melhoramento, para se poder estimar o estado atual da raça e, mais importante ainda, para se poder prever as mudanças que vão ocorrendo com o passar do tempo e com os progenitores usados (Toro *et al.*, 2011).

Os métodos de avaliação da diversidade genética são variados. Podem distinguir-se os seguintes:

- ❖ “Métodos clássicos”, como a eletroforese de proteínas, para determinar a sua variabilidade;
- ❖ Polimorfismos de DNA, por análise de RFLP, AFLP, Mini e Microsatélites, ADN mitocondrial e RAPD (Vassart, 1995);
- ❖ Análise demográfica da população, com base na informação genealógica existente (Toro *et al.*, 2011).

A dinâmica de uma população, traduz a influência dos diversos fatores que condicionam o seu censo, variabilidade genética, estrutura populacional, fluxo de genes do exterior, afunilamentos ao longo do tempo, etc. (Li *et. al*, 2009) e o estudo da demografia de uma raça é considerado um bom indicador da variabilidade genética existente e uma metodologia fundamental para a sua manutenção a longo prazo (Boichard *et al.*, 1997, Carolino e Gama, 2008, Vicente *et. al*, 2012).

É muito importante que a avaliação da diversidade genética seja feita tão cedo quanto possível, para se perceber a sua evolução. Sem esta, e se, estivermos face a uma população geneticamente estreita/afunilada, podemos ter consequências negativas, como o aumento da homozigotia de defeitos recessivos ou aumento da consanguinidade (Toro *et al.*, 2011).

A análise demográfica de uma população tem sido muito utilizada em animais domésticos e recorre a ferramentas que permitem analisar de forma retrospectiva a evolução desenvolvimento da diversidade genética na população. Permite também perceber a contribuição dos indivíduos fundadores e ascendentes e os estrangulamentos que poderão ter ocorrido no pedigree, e a contribuição de genes provenientes de populações diferentes (Malovrh, Planinc & Kovač, 2002).

Neste estudo, pretendeu-se descrever a estrutura e dinâmica populacional na raça Suína Alentejana, considerando-a como um grupo de indivíduos em permanente renovação e tendo em conta o seu *pool* de genes, recorrendo-se a uma análise demográfica da população com base na informação do seu *pedigree* (Carolino & Gama, 2008).

Os parâmetros demográficos e genéticos utilizados foram:

❖ *Distribuição, dimensão e evolução dos registos*: A evolução do número de registos permite saber, comparativamente ao ano inicial de registo, se existem mais ou menos exemplares ao longo do tempo e qual a sua evolução;

❖ *Distribuição do número de leitões (por mês, varrasco e porca)*: Para perceber qual o mês em que ocorrem mais partos e qual o número de descendentes dos varrascos e das porcas;

❖ *Grau de preenchimento das genealogias (população total e referência)*: O grau de preenchimento das genealogias permite saber a percentagem de preenchimento das genealogias da raça; ajuda a perceber qual é o grau de conhecimento dos *pedigrees* dos animais;

❖ *Número de gerações conhecidas*: O número de gerações conhecidas é definido como o número de gerações que separa a descendência da geração mais distante, em que 2⁹ ascendentes do indivíduo são conhecidas (Gutiérrez, Goyache & Cervantes, 2005);

❖ *Número máximo de gerações traçadas*: É definido como o número de gerações que separa o indivíduo do seu ascendente mais distante (Gutiérrez, Goyache & Cervantes, 2005);

❖ *Número de gerações equivalentes*: Pode-se definir este parâmetro como a soma de todos os ascendentes conhecidos de todos os termos calculados como a soma de $\left(\frac{1}{2}\right)^n$, em que n é o número de gerações que separam cada indivíduo do seu ascendente comum (Gutiérrez, Goyache & Cervantes, 2005);

❖ *Intervalo entre gerações*: Pode ser definido como a idade média dos pais

quando nasce a descendência que vai ser usada para reprodução (Nagy *et al.*, 2009). Consideraram-se os intervalos pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha;

❖ *Distribuição etária dos pais*;

❖ *Tamanho efetivo da população*: O tamanho efetivo de uma população é definido como sendo o número de indivíduos de uma população com uma estrutura não ideal, que daria origem a uma determinada taxa de consanguinidade se a sua estrutura fosse ideal (isto é, igual número de machos e fêmeas, com ausência de seleção, acasalamentos aleatórios, etc.) (Carolino & Gama, 2008);

❖ *Proporção macho – fêmea*

❖ *Formas de acasalamento*: Permite saber de que forma têm sido conduzidos os acasalamentos na população total e, caso haja perda de diversidade genética, saber o tipo de acasalamento mais comum, causador deste problema;

❖ *Consanguinidade individual*: A consanguinidade individual representa a probabilidade de dois alelos no mesmo *locus* serem iguais por descendência, ou seja, serem cópias de um gene do mesmo ascendente comum (Gama, 2002);

❖ *Taxa de consanguinidade*: A taxa de consanguinidade permite saber como está a evoluir a consanguinidade de uma população ao longo do ano; se for caso disso, dá o aumento da consanguinidade por ano ou por geração;

❖ *Grau de parentesco global*: O grau de parentesco entre dois indivíduos pode ser definido como a proporção de genes que possuem em comum e permite conhecer a consanguinidade resultante do seu acasalamento, se o mesmo for aleatório, já que neste caso a consanguinidade média será metade do grau de parentesco médio (Gama, 2002);

❖ *Índice de conservação genética*: é um parâmetro usado para maximizar a retenção da contribuição genética vinda de diferentes indivíduos fundadores, a que corresponde uma representação mais equitativa proveniente de um número mais ou menos alargado de fundadores (Vicente *et al.*, 2012). Como o objetivo de qualquer programa de conservação é reter ao máximo os alelos existentes na população fundadora, Alderson (1992) propôs o uso de um índice de conservação genética, cujo valor do animal pode ser medido pela proporção de genes de um determinado fundador no *pedigree* de um animal (Gutiérrez, Goyache & Cervantes, 2005), de tal forma que indivíduos com maiores valores do índice têm uma contribuição mais diversificada.

Além dos parâmetros acima referidos, recorreu-se também à teoria da probabilidade de origem dos genes para medir a variabilidade genética. Esta teoria, que é mais descritiva do que preditiva, baseia-se no facto de haver uma correlação positiva entre o aumento da consanguinidade e o decréscimo da heterozigotia num determinado locus de uma população fechada, não selecionada e panmítica de tamanho finito. O maior objetivo é analisar, da forma mais realista possível, a probabilidade de origem dos genes de uma população pelo cálculo da contribuição genética dos fundadores (indivíduos sem ascendentes conhecidos) e

verificar até que ponto a informação desses fundadores se encontra preservada na população analisada. Para isso recorreu-se a parâmetros como (Boichard *et al.*, 1997):

❖ *Número efetivo de fundadores (N_{ef})*: O número efetivo de fundadores representa o número de fundadores (f) que daria origem à diversidade genética observada na população em estudo, se todos os fundadores tivessem igual contribuição (Lacy, 1989); este parâmetro diz como são mantidas as contribuições dos fundadores ao longo das gerações e tem em conta a taxa de selecção (por exemplo, a probabilidade de ser pai ou não) e a variação do tamanho da família, mas negligencia a perda de informação genética de pai para filho (Boichard *et al.*, 1997);

❖ *Número efetivo de ascendentes (N_{ea})*: O número efetivo de ascendentes representa o número de ascendentes (fundadores ou não) que explicaria a totalidade da variabilidade genética da população em estudo, se todos os ascendentes tivessem igual contribuição (Carolino & Gama, 2008); este parâmetro tem em conta os afunilamentos nos *pedigrees* da população e, por esta razão, é sempre menor que o número efectivo de fundadores (Boichard *et al.*, 1997);

❖ *Contributo dos fundadores (q_k) e ascendentes (p_k) para a população de referência*: A contribuição genética de um ascendente, p_k , é explicada pela contribuição marginal de um ascendente, ou seja, a contribuição ainda não explicada pelos seus ascendentes já calculados. Já a contribuição genética de um fundador, q_k , pode ser explicada como sendo a proporção em que cada ascendente contribui para a população em estudo, à qual é deduzida a contribuição de todos os seus parentes cujas contribuições já foram determinadas (Carolino & Gama, 2008);

❖ *Número efetivo de genomas fundadores (N_{eg})*: Este parâmetro leva em conta a desigualdade da contribuição dos fundadores e a perda progressiva aleatória de alelos ao longo das várias gerações devido à deriva genética (Vicente *et al.*, 2012); além de ser sempre menor que o número efetivo de fundadores e ascendentes, está intimamente ligado ao tamanho efetivo da população: quanto menor for o N_e , maior o decréscimo do N_{eg} ao longo do tempo (Boichard *et al.*, 1997).

MATERIAIS E MÉTODOS

1. Informação disponível e validação dos dados

A caracterização genética por análise demográfica da raça Suína Alentejana foi feita com base na informação genealógica disponível na base de dados da raça, cuja gestão é assegurada pela UNIAPRA, através do *software* Genpro da Ruralbit.

Os dados existentes nesta base de dados contêm informação individual de cada animal: número de registo, género, registos de pai e mãe, data de nascimento e criador de origem.

Inicialmente estes dados tiveram como base registos de nascimentos de 489 995 animais aos quais foram feitas as devidas validações em termos de coerência de datas, correções ou exclusão de registos considerados incorretos (registos de animais sem exploração de origem e/ou atual, leitões do mesmo parto registados em explorações diferentes ou incoerência de datas de nascimento do pai e dos filhos). Como grande parte destes erros foram detetados em anos anteriores a 2003, excluíram-se os dados anteriores a este ano.

Também os registos posteriores a 2011 foram excluídos da análise demográfica, uma vez que partir de 2011 se deu uma alteração ao sistema de registos de paternidade, que só é registada se e quando existir um comprovativo resultante de prova de paternidade por análise de ADN.

Tornou-se necessário considerar uma população dita “de referência”, que nesta análise correspondeu ao grupo de leitões nascidos em 2010.

Para se proceder à estimativa de alguns parâmetros demográficos e genéticos da raça restaram então 371 112 animais, dos quais 6 993 eram animais fundadores (isto é, animais sem ascendência conhecida), que foram submetidos a diferentes análises estatísticas. Para este efeito utilizaram-se os seguintes programas: SAS 9.2 (SAS Institute, 2012), ENDOG v4.8 (Gutiérrez, Goyache & Cervantes, 2005), PEDIG (Boichard, 2002) e CFC (Colleau *et al.*, 2006).

2. Anomalias na informação genealógica

Mesmo em animais nascidos após 2003 foi necessário validar os registos, pois existiram incoerências de datas de nascimento dos pais e dos filhos (leitões cuja data de nascimentos dos pais é posterior à sua). Estes registos foram excluídos das análises.

Os erros encontrados nos anos iniciais são erros existentes na base de dados inicial, e que já não podem ser corrigidos.

Na tabela seguinte (Tabela 7) pode constatar-se a inconsistência do registo de paternidade ao longo do tempo através do número de leitões sem pai, mãe, ou ambos registados.

Tabela 7 – Resumo de alguns erros nos registos de paternidades na base de dados da Raça Suína Alentejana.

Ano de nascimento	Número de Leitões		
	Sem pai + mãe	Sem mãe	Sem pai
2003	108	388	1 419
2004	61	264	1 372
2005	0	56	11
2006	0	24	42
2007	0	1	4
2008	0	6	0
2009	0	7	0
2010	0	0	0
TOTAL	169	746	2 848

3. Parâmetros utilizados

❖ Grau de preenchimento das genealogias: O grau de preenchimento das genealogias foi avaliado pelo número de ascendentes conhecidos, via paterna e materna, em cada geração.

Adicionalmente calculou-se o número de gerações equivalentes completas conhecidas por animal, obtido como:

$$n_i = \frac{n_s + n_d}{2} + 1,$$

em que n_s e n_d representam o número de gerações conhecidos para o pai e a mãe, respetivamente, quando s e d são conhecidos. No caso de s e d serem desconhecidos, então o n_s e n_d assumem-se como sendo iguais a -1. Nos indivíduos fundadores o número de gerações é igual a zero (Carolino & Gama, 2008).

❖ Intervalo entre gerações (L): O intervalo entre gerações foi calculado para os pais e as mães de todos os descendentes e para as 4 vias de selecção (idade média dos pais dos varrascos, pais das porcas, mães dos varrascos e mães das porcas). A média destas quatro vias foi considerada como o intervalo médio entre gerações (L) (Vicente *et al.*, 2012).

❖ Coeficiente de consanguinidade individual (F_i) e grau de parentesco entre indivíduos (a_{ij}): Tanto o coeficiente de consanguinidade individual como o grau de parentesco médio foram calculados pelo software CFC, utilizando o método tabular (Gama,

2002). Desta forma, o coeficiente de parentesco entre dois indivíduos i e j (a_{ij}) é obtido como:

$$a_{ij} = \frac{1}{2} (a_{i.Pai\ de\ j} + a_{i.Mãe\ de\ j})$$

$$a_{ij} = a_{ji}$$

$$a_{ii} = 1 + F_i$$

$$F_i = \frac{1}{2} a_{(Pai\ de\ i . Mãe\ de\ i)}$$

❖ Coeficiente de consanguinidade médio (\bar{F}) da população: Obtido como a média de todos os F_i .

❖ Taxa de consanguinidade ($\Delta F/\text{geração}$): Existem, pelo menos, quatro maneiras diferentes de calcular este parâmetro. A forma mais clássica é a seguinte:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

em que F_t e F_{t-1} é a consanguinidade média na geração t e na geração anterior, respetivamente. No numerador da fórmula encontra-se representado o aumento de consanguinidade de uma geração para a outra e no denominador a heterozigotia na geração $t-1$. A segunda maneira para se obter a taxa de consanguinidade por geração, é recorrendo ao cálculo da taxa de consanguinidade por ano ($\Delta F/\text{ano de nascimento}$), que é determinada pelo coeficiente de regressão da consanguinidade individual por ano de nascimento. A partir da multiplicação desta pelo intervalo médio gerações (L), ou seja, a partir de ($\Delta F/\text{ano de nascimento}$) $\times L$, obtém-se o $\Delta F/\text{geração}$ (Carolino & Gama, 2008).

Uma terceira forma de se obter a taxa de consanguinidade, embora de forma aproximada ($\overline{\Delta F}$), é através da taxa de consanguinidade individual (ΔF_i). O cálculo é feito pela média dos ΔF_i nos n indivíduos incluídos numa população:

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[t-1]{1 - F_i},$$

em que F_i é o coeficiente de consanguinidade individual e t o número de gerações equivalentes (Gutiérrez, Cervantes, & Goyache, 2009).

Por último, esta taxa pode ser calculada em função do número de gerações equivalentes, máximas e totais. Para cada caso, calcula-se o coeficiente de regressão (b) do coeficiente de consanguinidade individual no número de gerações conhecidas. Este coeficiente de regressão (b) corresponde ao aumento da consanguinidade por geração, de forma que:

$$b = F_t - F_{t-1}$$

A taxa de consanguinidade por geração pode então ser aproximada como:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \approx \frac{b}{1 - (F_t - b)},$$

❖ Tamanho efetivo da população estimado (N_e): O tamanho efetivo da população corresponde ao número de animais que contribuem para a diversidade genética observada na população em estudo se todos tivessem a mesma contribuição, e pode ser calculado a partir da taxa de consanguinidade da seguinte maneira (Falconer & Mackay, 1996):

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

❖ Número efetivo de fundadores (N_{ef}): A contribuição de um dado fundador foi determinada de acordo com os métodos descritos por Boichard *et al.* (1997). Muito resumidamente esta metodologia baseia-se na suposição de que um alelo escolhido de forma aleatória, de um determinado *locus* de um indivíduo, tem 50% de probabilidade de vir do pai (ou da mãe), 25% de probabilidade de vir do avô (ou da avó) e etc. Aplicando esta teoria sobre a origem dos genes a um *pedigree*, torna-se possível calcular a contribuição genética expectável (q_k) de um determinado fundador no *pool* genético de um animal ou num grupo de indivíduos. Para se conseguir isto, um animal é considerado fundador quando ambos os progenitores do indivíduo são desconhecidos ou então quando existe um indivíduo com apenas um pai/mãe conhecido.

Quando se consideram várias gerações nos *pedigrees* dos animais, consegue-se definir uma população referência (isto é, um grupo de animais nascidos num determinado período), e a proporção da contribuição dos animais fundadores pode ser avaliada. A soma de todas as contribuições dos fundadores deve ser igual a 1. No entanto, o número total de fundadores (N_f) não é muito fiável, uma vez que a contribuição individual de cada um está frequentemente representada em proporções desiguais na população. Por esta razão, torna-se necessário considerar um número efectivo de fundadores (N_{ef}), ou seja, considerar um número de fundadores em que a contribuição individual é feita de forma equitativa ao longo do tempo, sendo assim capazes de gerar a mesma diversidade genética na população estudada (Carolino & Gama, 2008).

O N_{ef} pode ser calculado pela seguinte maneira:

$$N_{ef} = 1 / \sum_{k=1}^f q_k^2$$

em que q_k é a probabilidade de origem dos genes de um determinado fundador k .

❖ Número efetivo de ascendentes (N_{ea}): A existência de afunilamentos nos *pedigrees* é avaliada pelo número efetivo de ascendentes. Este é definido como sendo o número ascendentes (fundadores ou não) com uma igual contribuição na população de referência e pode ser calculado da seguinte maneira:

$$N_{ea} = 1 / \sum_{k=1}^f p_k^2$$

$$p_k = q_k \left(1 - \sum_{i=1}^{n-1} a_{ki} \right)$$

em que p_k é a contribuição marginal do ascendente na geração k , ou seja, a contribuição do ascendente que vai para além da que já foi explicada pelos seus ascendentes na população de referência. Já q_k representa a contribuição total do mesmo ascendente referido anteriormente e a_{ki} , a relação entre um determinado ascendente e de cada um dos $n-1$ ascendentes já considerados (Carolino & Gama, 2008).

❖ Número de genomas fundadores (N_{eg}): Este parâmetro foi calculado tendo em conta a contribuição desigual dos fundadores e da possível perda aleatória de alelos ao longo de sucessivas gerações causada pela deriva genética (Vicente *et al.*, 2012).

❖ Índice de conservação genética (GCI): Este índice é calculado pela fórmula:

$$GCI = 1 / \sum p_i^2 ,$$

em que p_i representa a proporção de genes do fundador i no pedigree de um animal. Este parâmetro é calculado baseando-se numa teoria proposta por Alderson (1992), que assume que o objectivo de um programa de conservação é reter o maior número possível de alelos da população fundadora. Idealmente, um indivíduo receberia uma contribuição igual de todos os fundadores da população, e este índice seria tão maior quanto mais alto fosse o nível de representatividade dos fundadores no genoma de um animal.

RESULTADOS

1. Distribuição e evolução dos registos

Este estudo foi feito com o intuito de avaliar o estado da diversidade genética da raça Suína Alentejana e identificar os principais fatores que colocam em risco essa diversidade.

Após a análise dos registos que existiam na base de dados da raça Suína Alentejana, no período entre 2003 e 2010, verificou-se que o número total de animais foi de 371 112, sendo que 6 993 representam o número de fundadores da raça.

Ao longo destes 8 anos, o número de criadores com animais registados, foi de 294 (Tabela 8) e sofreu algumas flutuações ao longo do tempo (Figura 6). O seu pico máximo ocorreu em 2006, com 202 criadores, e o pico mínimo em 2003 e em 2010 com 146 criadores. A média foi de 172.1 criadores por ano.

O número total de leitões registados, no período de 2003-2010, foi de 364 288 animais. A tendência foi a de acompanhar a evolução do número de criadores com animais registados, alcançando o seu máximo em 2006, com 65 829 leitões (Figura 7). A média obtida foi de 45 536 leitões registados por ano e o pico mínimo foi de 33 477 leitões, no ano de 2009.

Do total de 1 905 varrascos registados (Figura 8), 1 898 produziram descendência (Tabela 8). Entre 2003 – 2010, houve uma média de 549.1 varrascos utilizados por ano. O valor máximo foi atingido em 2006, com 710 animais, e o valor mínimo em 2010, com 451 animais.

De um total de 18 942 porcas registadas, 18 912 porcas produziram descendência (Tabela 8). À semelhança do número de varrascos utilizados por ano, o número de porcas utilizadas por ano atingiu também o seu pico máximo em 2006, com 7 333 animais e o seu pico mínimo em 2003 com 4 400 animais, com uma média de 5 643 animais (Figura 9).

Tabela 8- Resumo da informação registada (animais nascidos entre 1/1/2003 e 31/12/2010).

Anos considerados na análise	2003- 2010	% do total de animais
Nº total de animais	371 112	100
Nº de animais fundadores	6 993	1.88
Nº de criadores	294	-
Total de indivíduos com descendência	20 810	5.61
Varrascos	1 898	0.51
Porcas	18 912	5.10

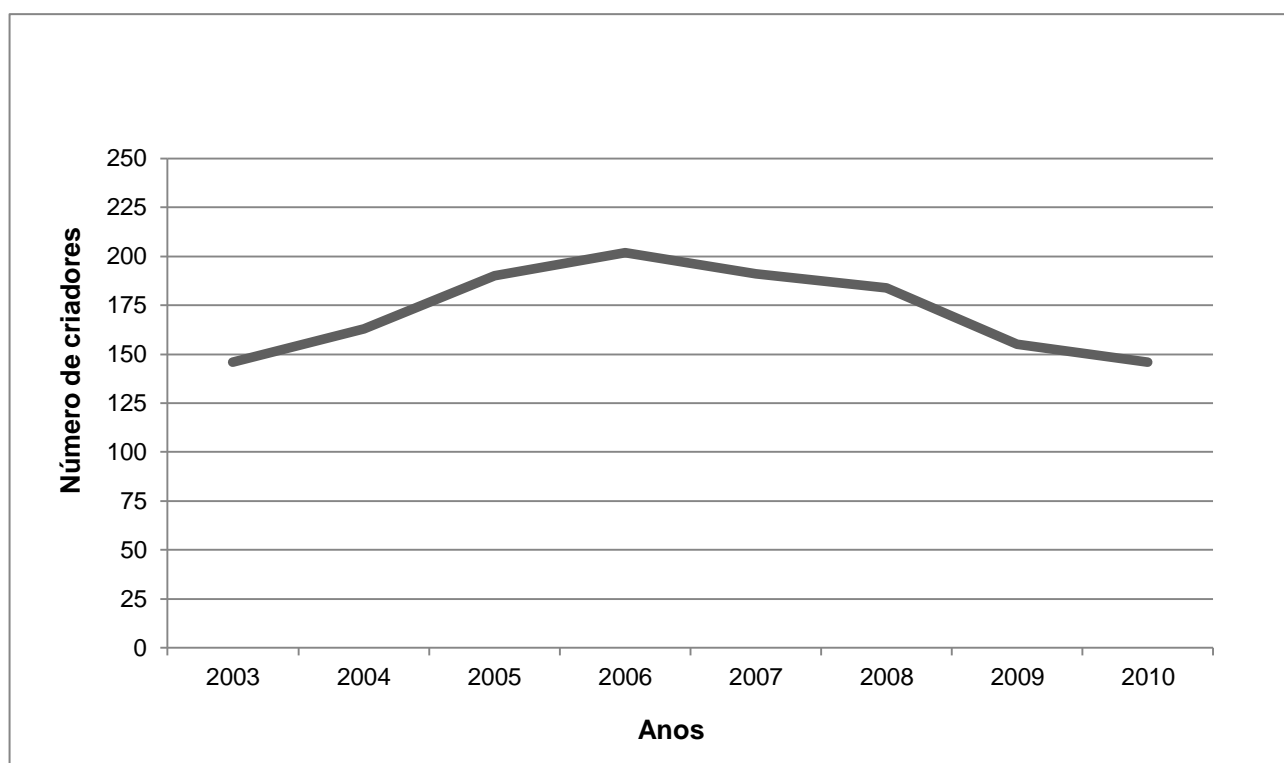


Figura 6 - Evolução do número de criadores por ano.

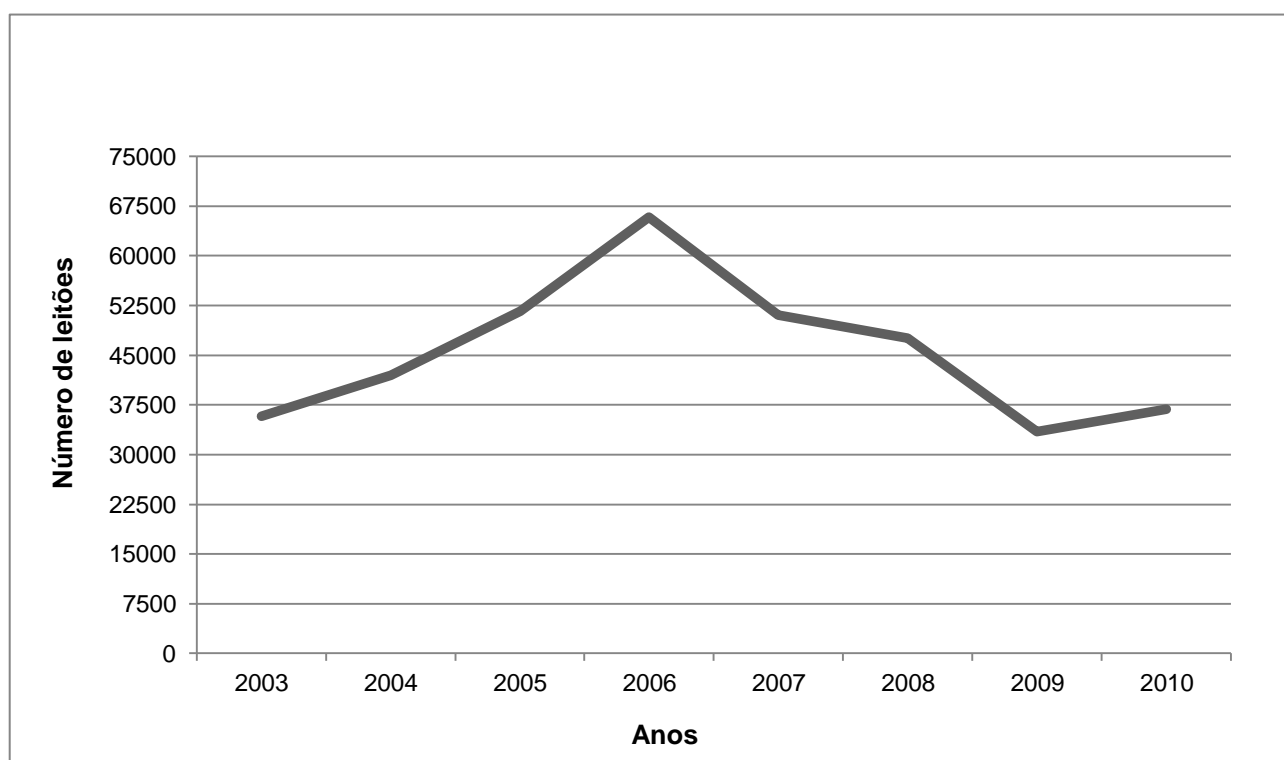


Figura 7 - Evolução do número de leitões por ano de nascimento.

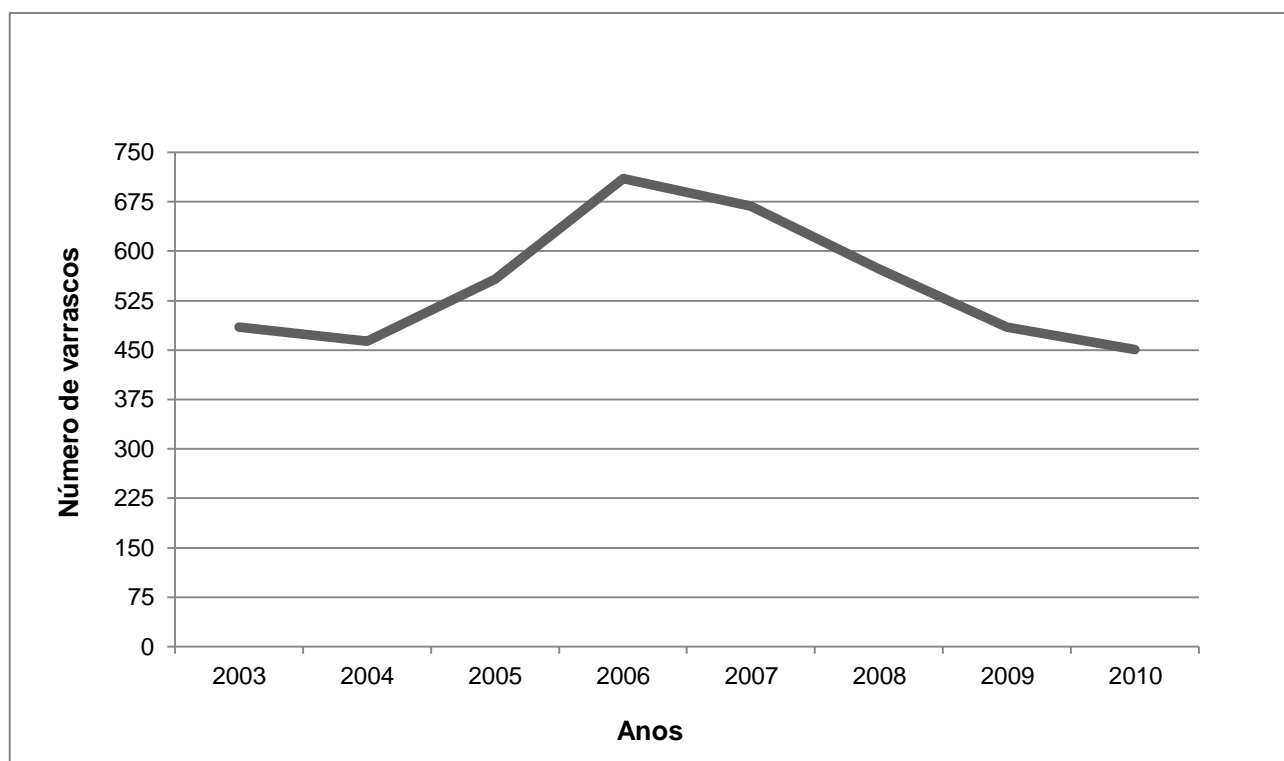


Figura 8 - Evolução do número de varrascos utilizados por ano.

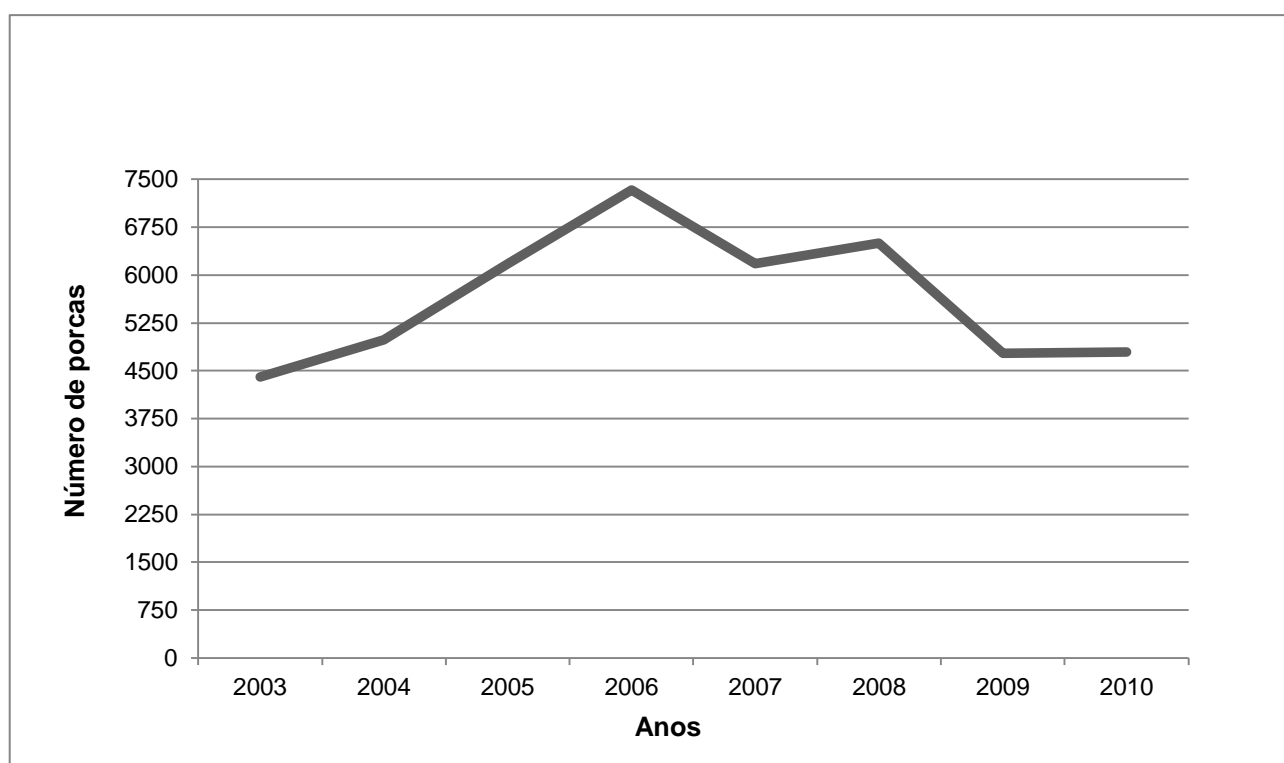


Figura 9 - Evolução do número de porcas utilizadas por ano.

Como seria de esperar, há uma relação positiva entre o número de criadores por ano, número de leitões registados por ano, número de varrascos com descendência registada por ano e o número de porcas com descendência registada por ano; nota-se

claramente uma tendência para aumentar até ao ano de 2006, sofrendo um decréscimo gradual até ao ano de 2010.

Fazendo um balanço do número de porcas por criador/ano verificou-se que, num total de 1 377 combinações criador/ano, existiam 907 combinações (cerca de $\frac{2}{3}$ do total) com efetivos até 30 porcas (Figura 10). A média alcançada foi de 32.8 porcas por criador/ano.

Relativamente ao número de varrascos, verificou-se que 52.73% das combinações criador/ano utilizou 2 varrascos ou menos, com uma média global de 3.27 varrascos por criador/ano (Figura 11).

Desta maneira, a partir da média global entre a utilização de porcas e varrascos por criador/ano, a relação macho: fêmea encontrada foi de 1 varrasco para 10 porcas, aproximadamente.

Estudou-se também a distribuição de frequências dos criadores por dimensão da exploração, traduzida pelo número de leitões por criador/ano (Figura 12). Assim, de um total de 1 377 combinações criador/ano, conclui-se que 26.51% das combinações tinham mais de 300 leitões. As restantes concentraram-se na categoria de 150 leitões ou menos, o que fez com que a média tivesse sido de 264.6 leitões por criador/ano.

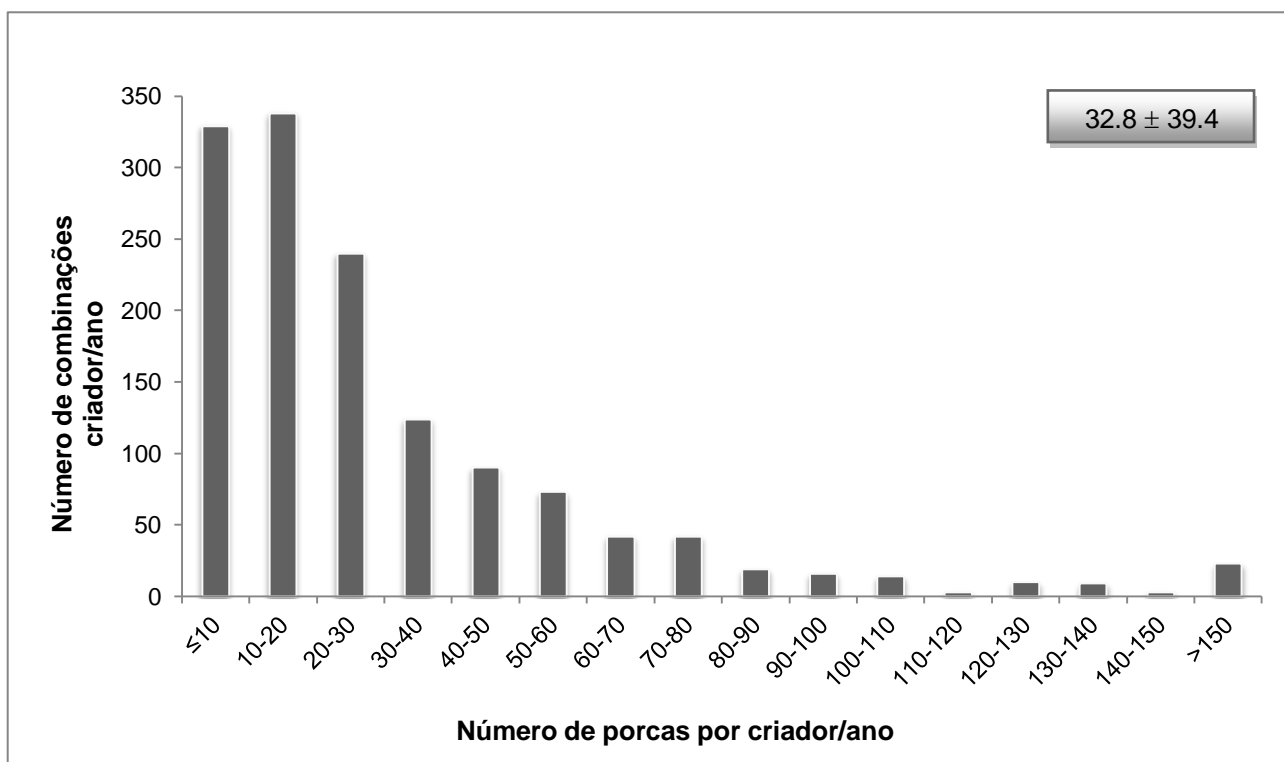


Figura 10 – Distribuição do número de porcas por criador/ano.

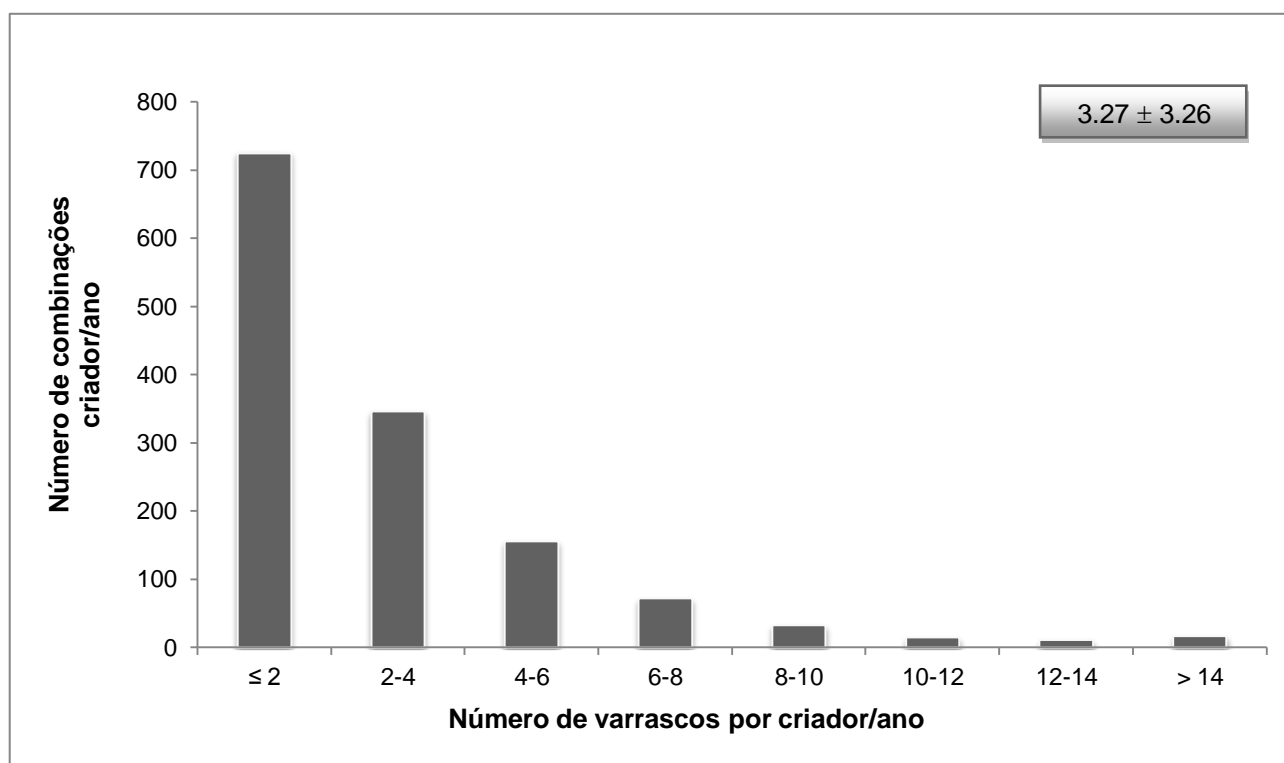


Figura 11 – Distribuição do número de varrascos por criador/ano.

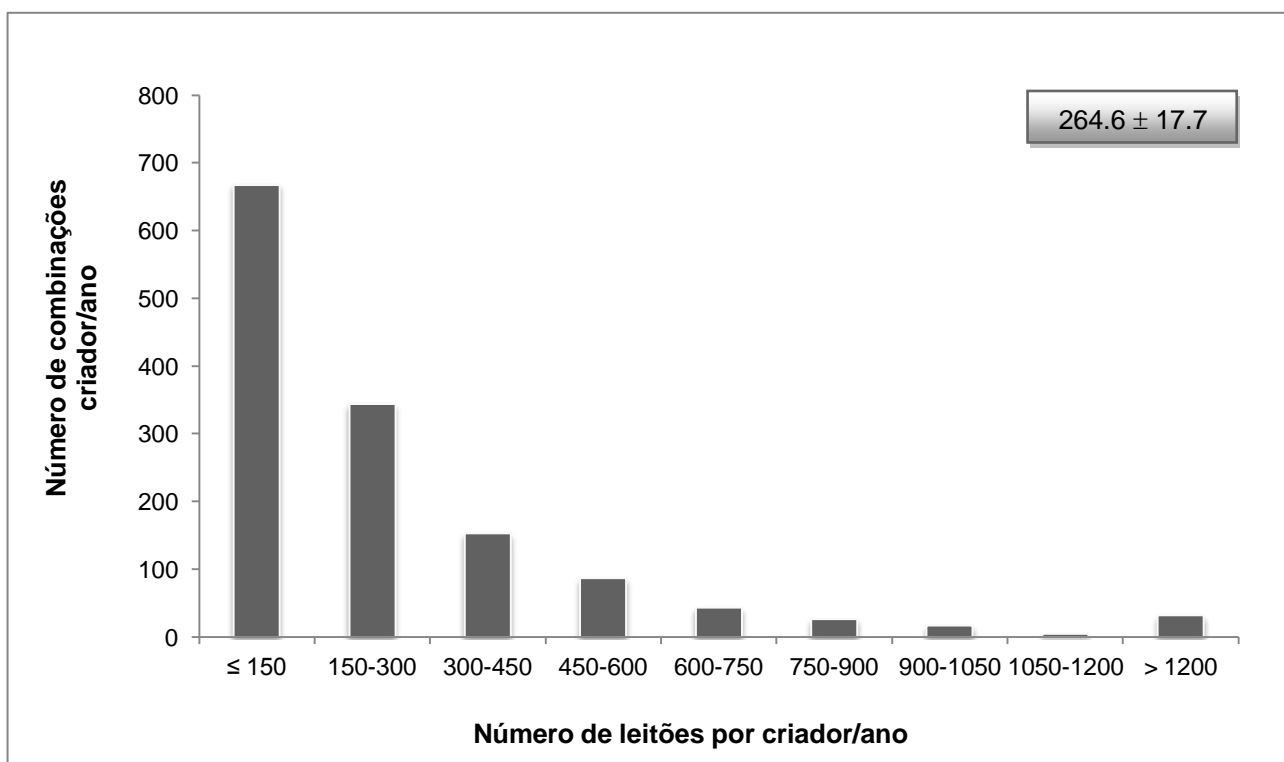


Figura 12 – Distribuição do número de criadores por dimensão da exploração.

2. Características reprodutivas

No conjunto total dos dados verificou-se uma maior concentração de partos nos meses de Março e Junho e uma menor concentração nos meses de Novembro e Fevereiro (Figura 13). Tradicionalmente as épocas de parição seriam apenas duas: a primeira entre os meses de Março e Maio e a segunda por volta dos meses de Setembro e Novembro, uma vez que a produção de erva é abundante por esta altura. No entanto, com um uso cada vez maior dos alimentos compostos na alimentação dos animais, nota-se que as partições se encontram distribuídas ao longo do ano.

Num total de 1 905 registos de leitões por varrasco, cerca de $\frac{2}{3}$ dos varrascos teve uma descendência até 200 leitões; apenas 19.06% dos varrascos teve uma descendência superior a 300 leitões. A média de leitões por varrasco foi de 191.19 (Figura 14).

Quanto ao número de leitões por porca, numa totalidade de 18 942 registos, apenas 32.93% teve descendência igual ou inferior a 10 leitões; 20.25% teve descendência superior a 30 leitões (Figura 15). A média foi de 19.23 leitões por porca.

Apesar das longevidades médias dos varrascos e das porcas serem superiores a 2 anos (2.47 e 2.64 anos, respetivamente), grande parte da população, 58% dos varrascos e 54% das porcas, apresentou longevidades compreendidas entre um ano e dois anos de idade (Figuras 16 e 17).

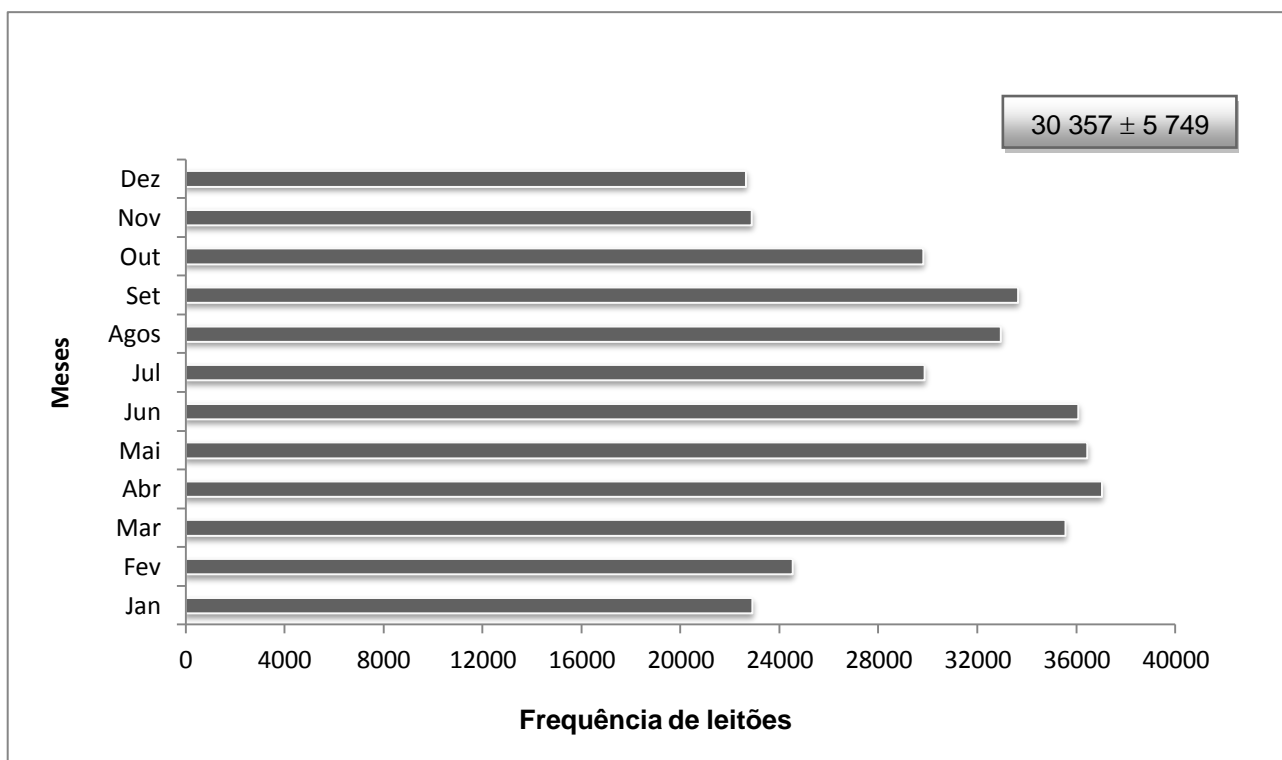


Figura 13 - Distribuição mensal dos leitões nascidos.

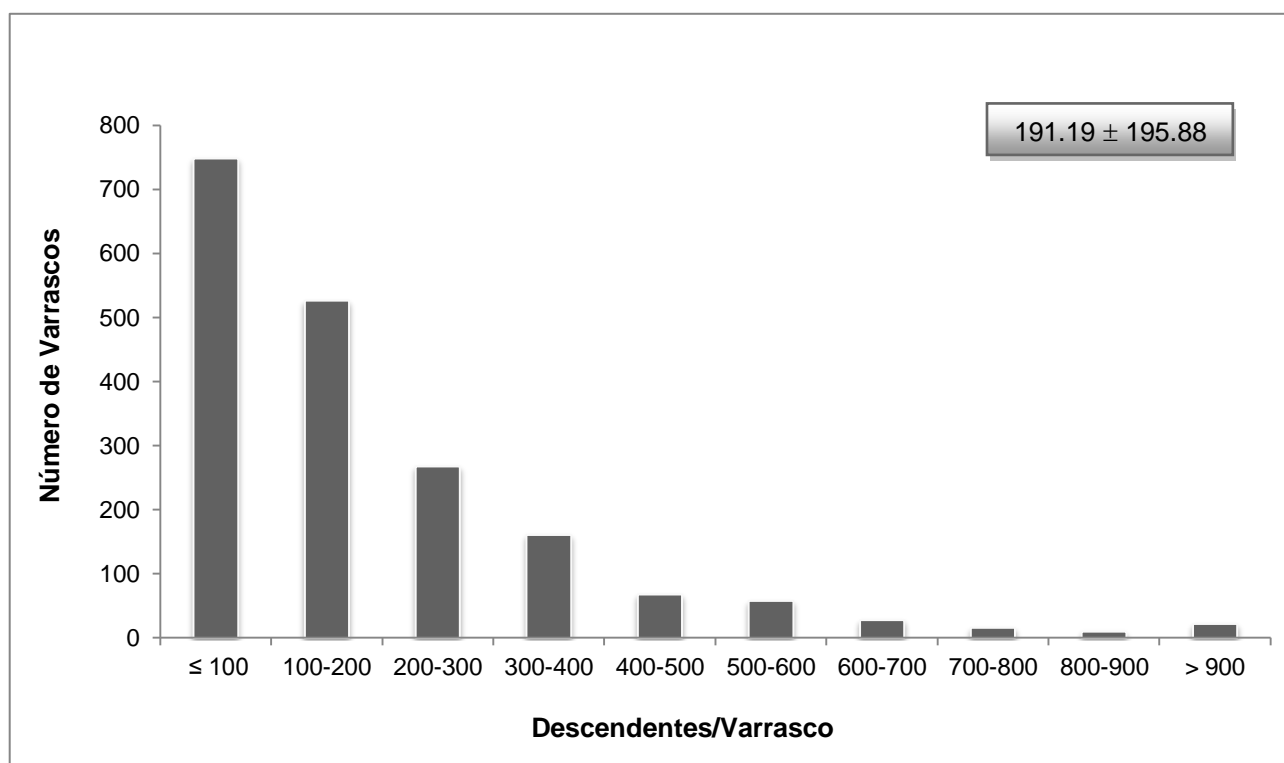


Figura 14 – Distribuição do número de descendentes por varrasco.

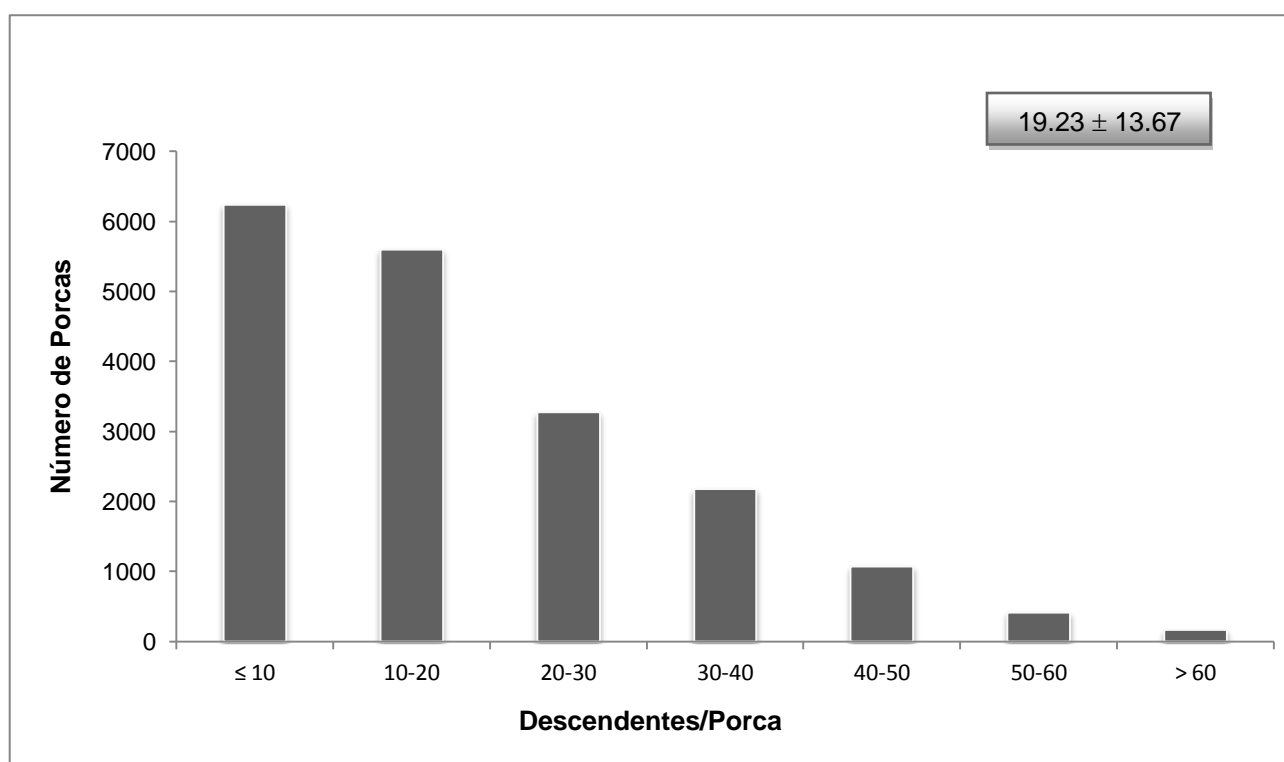


Figura 15 - Distribuição do número de descendentes por porca.

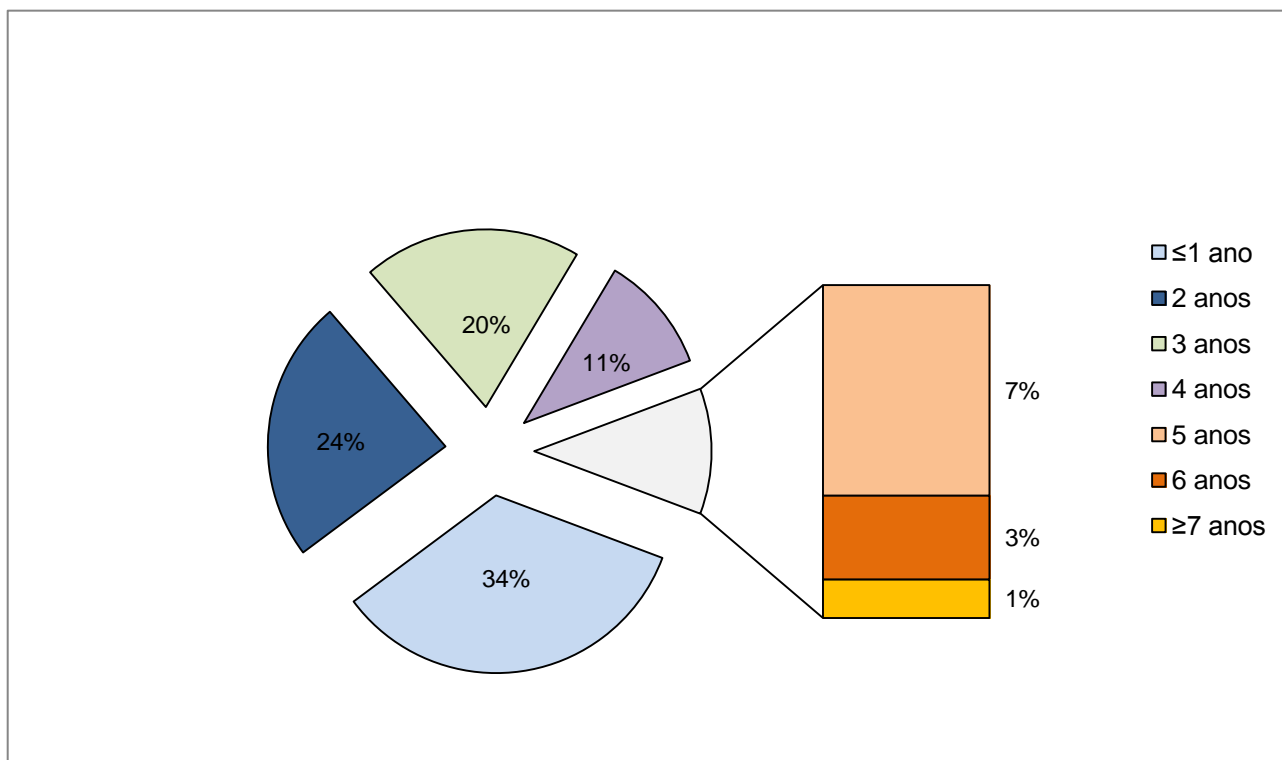


Figura 16 - Longevidade dos varrascos em anos.

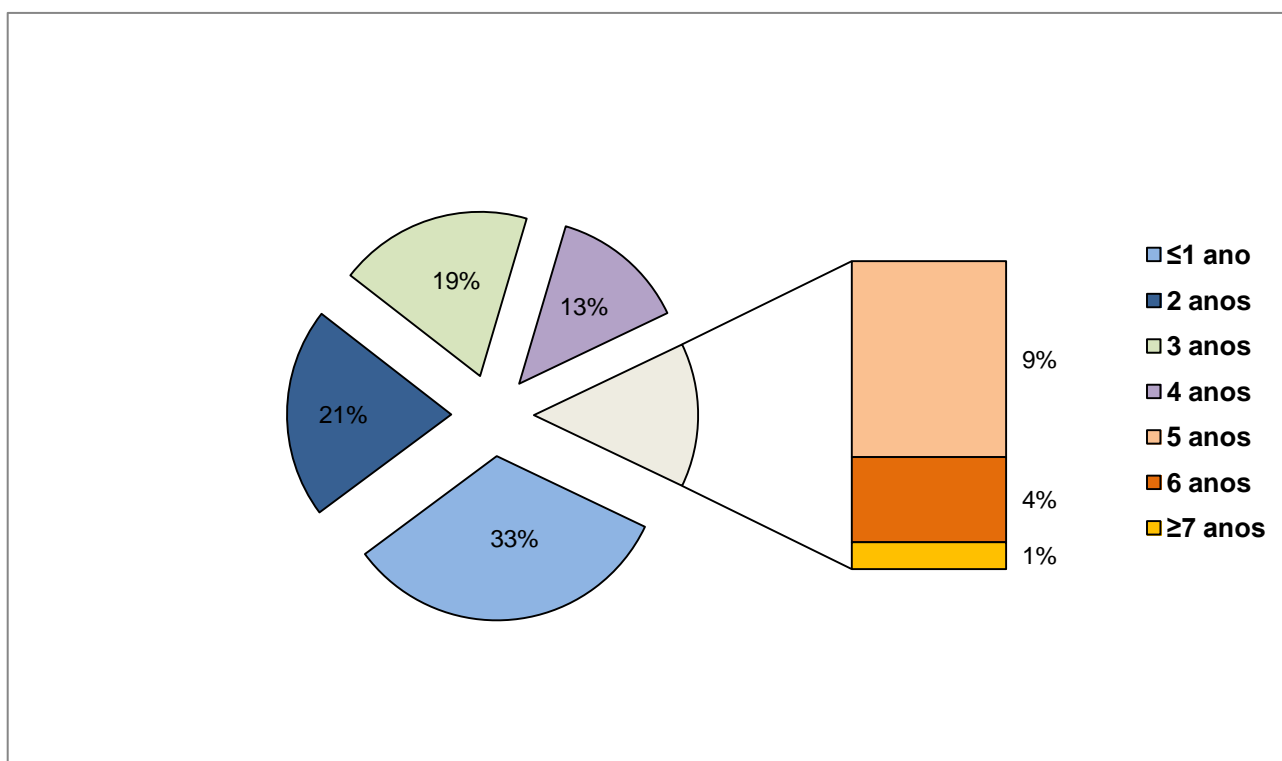


Figura 17 - Longevidade das porcas em anos.

3. Idade dos reprodutores

3.1) Distribuição etária

Verificou-se que a distribuição dos leitões consoante a idade dos pais ao nascimento atinge o seu máximo entre as classes de um e três anos (Figura 18). A média das idades dos reprodutores foi de 2.49 anos para as porcas e 2.58 anos para os varrascos, perfazendo uma média global de 2.54 anos.

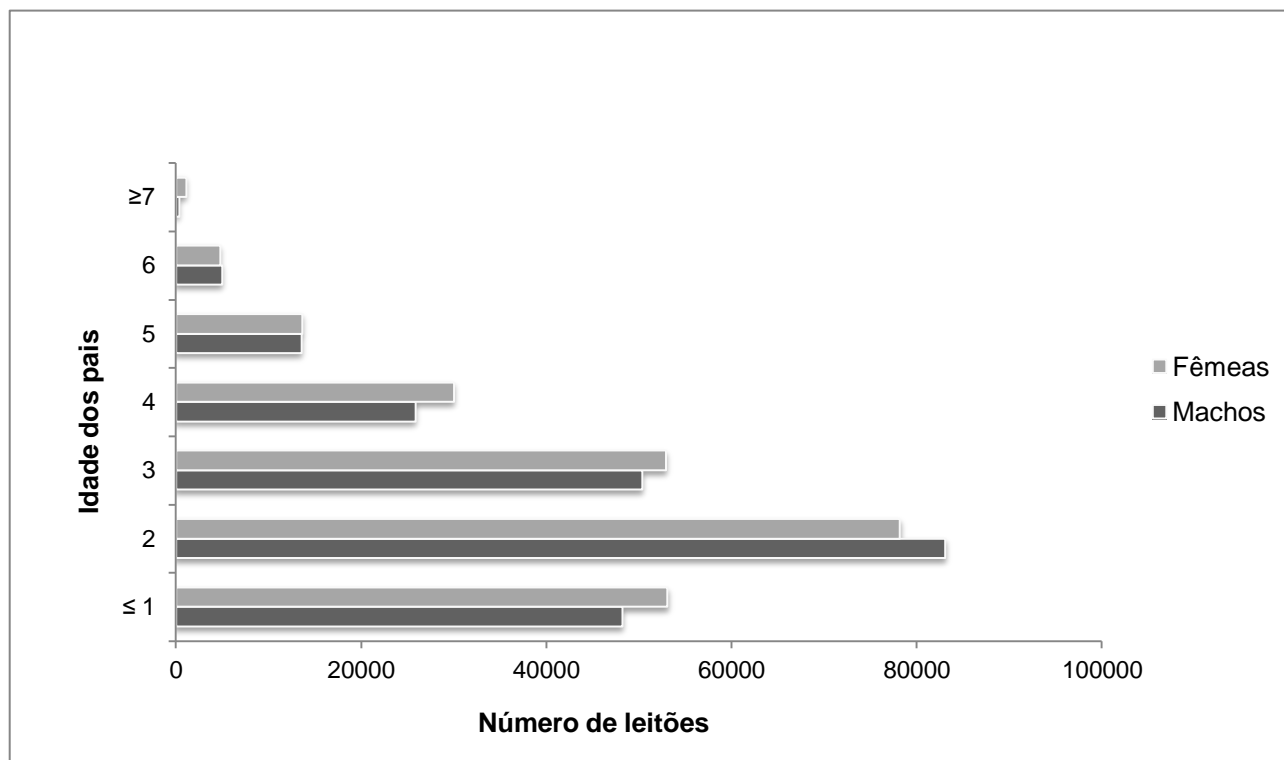


Figura 18 - Distribuição etária dos pais.

3.2) Intervalo de gerações (População total)

O intervalo entre gerações médio (L) na população total é de 2.17 anos. Note-se que o maior intervalo entre gerações é no tipo de ligação mãe- filho, apesar de não haver uma diferença muito grande com os restantes (Tabela 9).

Tabela 9- Intervalo de gerações médio na população total, com os respetivos tipos de ligações e desvio padrão.

Ligação	Intervalo médio
Pai-filho	2.03 ± 0.95
Pai-filha	2.10 ± 0.96
Mãe-filho	2.34 ± 1.04
Mãe-filha	2.22 ± 0.98
Intervalo médio	2.17 ± 0.98

4. Genealogias

4.1) Número de gerações conhecidas

Apesar da informação genealógica ser igualmente completa tanto no lado materno como no paterno, o grau de conhecimento das genealogias é progressivamente menor quanto mais distante estiver o ascendente.

No entanto, o número de gerações conhecidas tem vindo a evoluir de tal forma que em 2003 havia, em média, 0.98 gerações conhecidas e em 2010, quase o triplo, 2.84 gerações conhecidas (Figura 19).

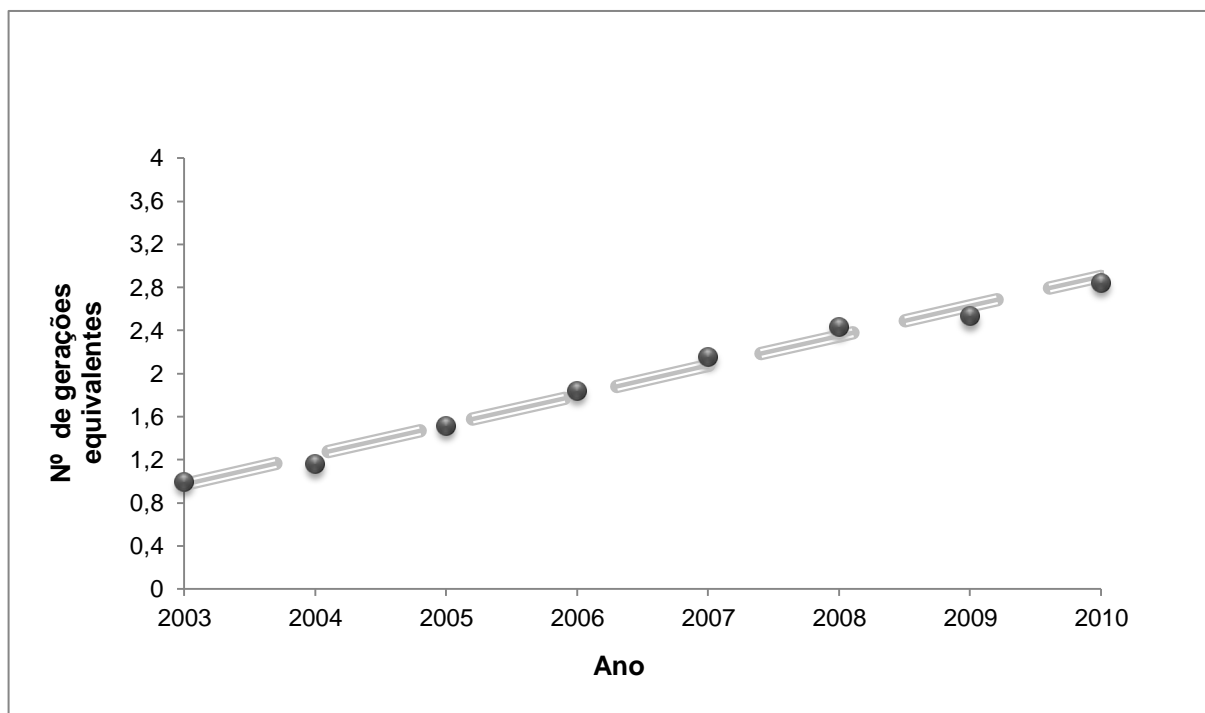


Figura 19 - Número de gerações equivalentes por ano.

4.2) Grau de preenchimento de Genealogias

A percentagem de ascendentes conhecidos tem vindo a aumentar, com uma percentagem de 24% de bisavós conhecidos para o total de animais nascidos entre 2003 e 2010, e de 64% para os nascidos em 2010.

Na primeira geração da população total, conhecem-se 97.35% dos pais e 97.91% das mães dos leitões, o que faz com que o grau de preenchimento seja bastante elevado. Apesar disto, a percentagem conhecida de bisavôs e bisavós é inferior a 30%.

Por outro lado, na população de referência (animais nascidos em 2010), o grau de preenchimento de genealogias já é mais completo: conhecem-se 100% dos pais e das mães dos leitões e só na geração dos trisavôs e trisavós é que o grau de conhecimento dos ascendentes é inferior a 30% (Figura 20).

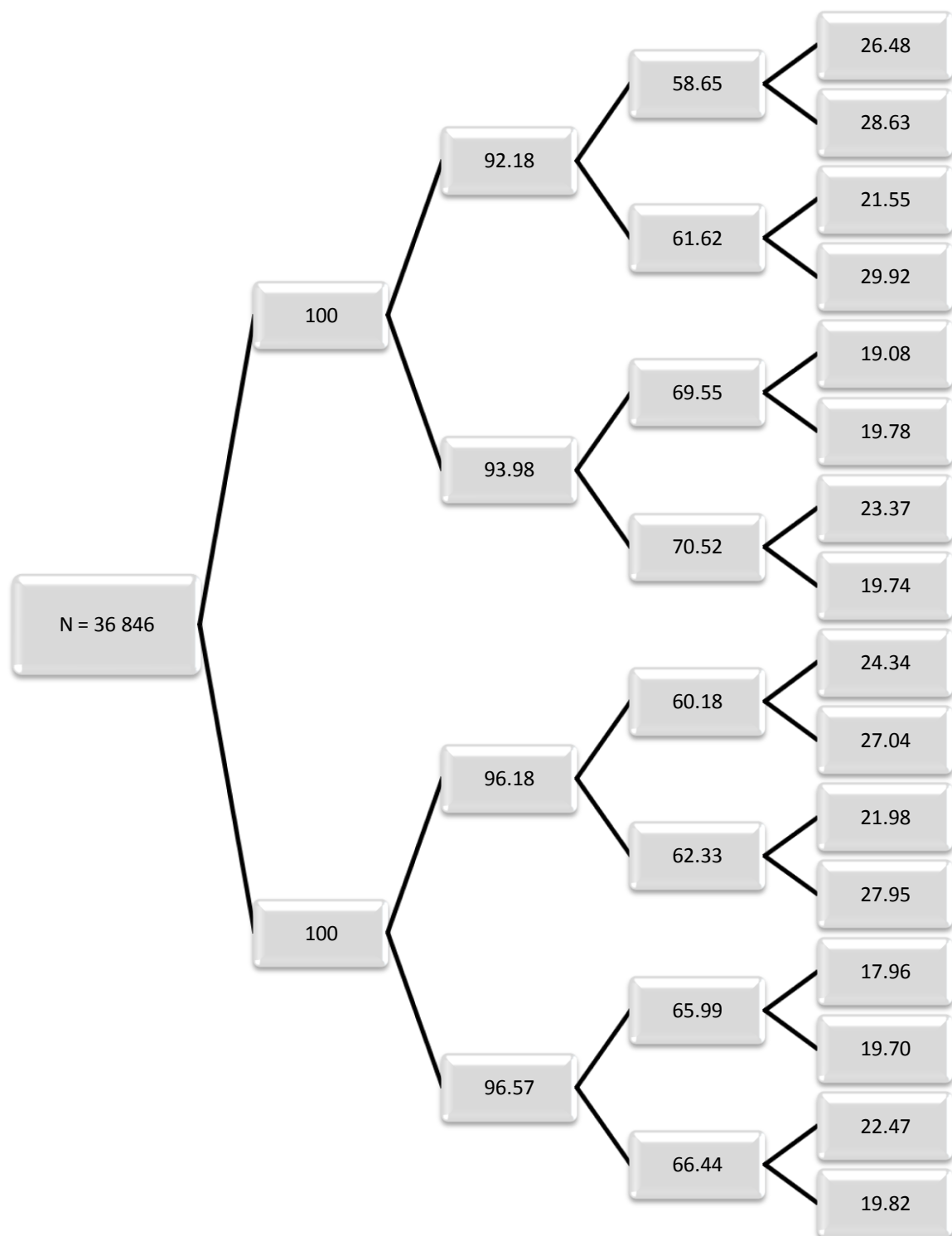


Figura 20 - Grau de preenchimento de genealogias da população de referência: percentagem de ascendentes conhecidos (linha paterna em cima e linha materna em baixo).

5. Formas de acasalamento

5.1) Acasalamentos consanguíneos

Dentro da população total, cerca de 9.54% dos acasalamentos dão origem a animais com um nível de consanguinidade mais elevado, sendo maioritariamente devido a acasalamentos entre meio- irmãos, seguido pelos acasalamentos entre pai- filha e irmãos plenos (Tabela 10).

Tabela 10 – Tipos de acasalamentos consanguíneos com a respetiva frequência absoluta e percentagem do total.

Leitões resultantes de acasalamento entre:	% do total
Meio- irmãos	5.86
Pai - filha	3.06
Irmãos plenos	0.61
TOTAL	9.54

5.2) Rotatividade de animais entre explorações

Na tabela 11 estão representadas as classificações das explorações conforme o uso de machos próprios da exploração, machos comprados ao exterior e venda de machos ao exterior. Consideram-se 5 classificações:

- a) Seleccionadores: Só usam machos próprios e vendem machos ao exterior;
- b) Multiplicadores: O Multiplicador 1 usa simultaneamente machos vindos do exterior (adquiridos ao Seleccionador) e machos próprios da exploração, enquanto o Multiplicador 2, apenas usa machos adquiridos ao exterior. Tanto um como o outro vendem animais ao exterior;
- c) Produtores Comerciais: O Produtor Comercial 1 usa machos vindos do exterior e machos próprios da exploração, enquanto o Produtor Comercial 2 apenas usa machos vindos do exterior.

Verificou-se que nenhuma das explorações se enquadra na classificação de Seleccionador, já que todas adquirem machos ao exterior.

Das 294 explorações analisadas, 125 enquadram-se na classificação de Multiplicador e 169 são classificadas como Produtoras Comerciais.

Globalmente, 70 % das explorações utilizam machos próprios além dos machos que compram ao exterior (Tabela 11). Nestas explorações a percentagem de machos comprados ao exterior varia entre 32.7% e 42.2%, ou seja, mais de metade dos machos provêm da própria exploração.

Apenas 30 % dos criadores utiliza machos exclusivamente do exterior, não recorrendo por isso a acasalamentos tão aparentados como pode ocorrer com as restantes explorações.

Tabela 11 – Classificação das explorações em função da utilização de machos vindos de exterior, utilização de machos próprios e venda dos machos ao exterior.

	Classificação da exploração				
	Selecionador	Multiplicador 1	Multiplicador 2	Produtor comercial 1	Produtor comercial 2
Uso de machos do exterior	-	x	x	x	x
Uso de machos próprios	x	x	-	x	-
Venda de machos ao exterior	x	x	x	-	-
Nº de explorações	0	120	5	86	83
% machos comprados	0	32.7	100	42.2	100

6. Consanguinidade e parentesco

6.1) Consanguinidade individual

Os resultados obtidos revelaram que o número de gerações equivalentes para a população total foi de 1.91 e de 2.84 gerações para a população de referência. Em geral, espera-se que quanto maior for o número de gerações conhecidas, maior será a consanguinidade na população. Esta ideia é reforçada pelos resultados obtidos, que revelam a existência de 17.85% de animais consanguíneos na população total (Figura 21) e de 32.85% animais consanguíneos na população de referência (Tabela 12).

Tabela 12 – Percentagem de animais consanguíneos, consanguinidade média (%), parentesco médio (%), número de gerações equivalentes, tamanho efetivo (N_e) e do índice de conservação genética, na população total e referência.

	População total	População referência
% Animais consanguíneos	17.85	32.85
Consanguinidade média (F em %)	2.27 ± 6.06	3.41 ± 6.80
Parentesco médio (a_{ij} em %)	0.16 ± 0.12	0.25 ± 0.13
Nº gerações equivalentes (EqG)	1.91 ± 0.76	2.84 ± 0.59
Índice de Conservação Genética (GCI)	3.56 ± 1.77	5.72 ± 2.12

* Calculado a partir da taxa de consanguinidade e do nº gerações equivalentes

A consanguinidade média da raça é de 2.27% na população total e de 3.41% na população de referência.

Verifica-se que grande parte dos animais consanguíneos da população total (Figura 22) atinge níveis de 12.5% de consanguinidade (resultante do acasalamento entre meio - irmãos) e de 25% de consanguinidade (acasalamento pai-filha ou entre irmãos plenos).

Na figura 23 apresenta-se a distribuição da consanguinidade média por exploração. Apesar de 20% das explorações apresentarem uma consanguinidade nula, a média atingida foi de 2.84% e, aproximadamente, 6% das explorações tem uma consanguinidade média igual ou superior a 10%.

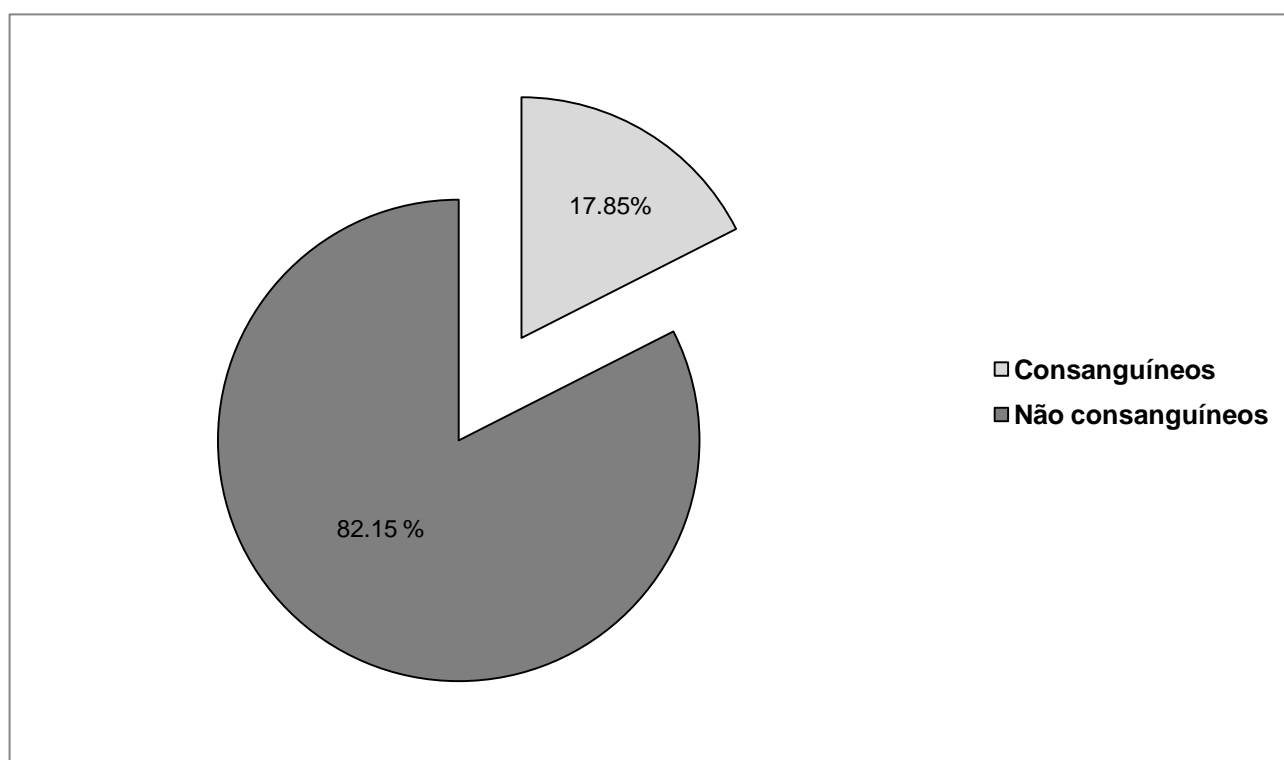


Figura 21 - Distribuição da consanguinidade na população total.

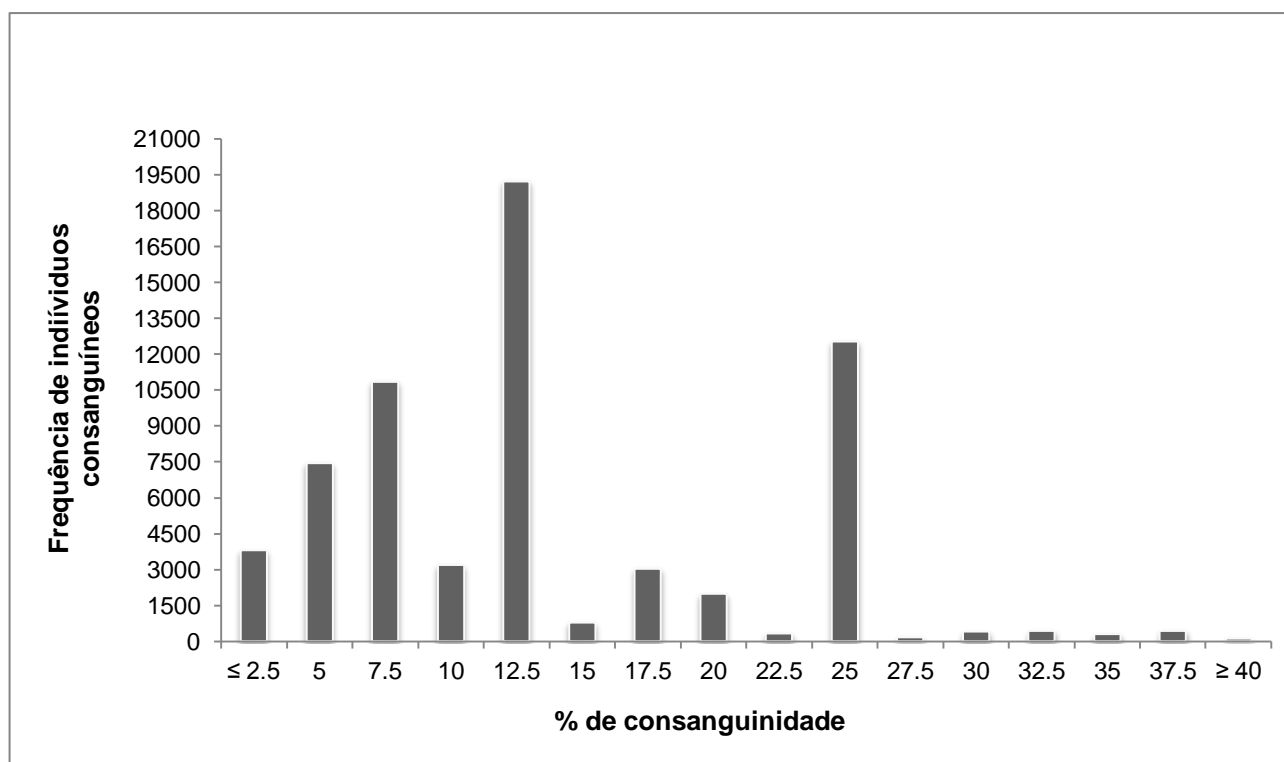


Figura 22 - Distribuição da percentagem de consanguinidade (nos indivíduos consanguíneos).

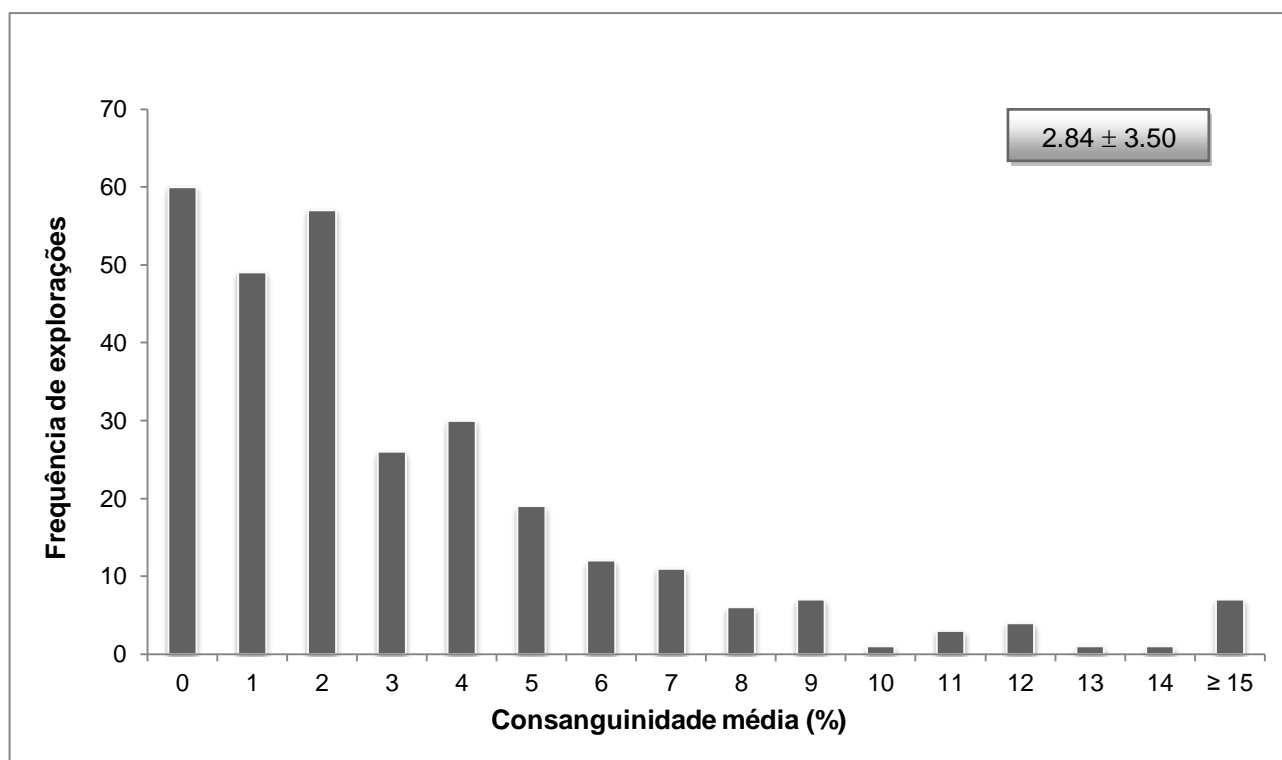


Figura 23 - Consanguinidade média por exploração (%).

6.2) Parentesco e relação entre explorações

Os resultados mostram que o grau parentesco na população total é de 0.16% e de 0.25% na população de referência (Tabela 12).

Como se pode ver pela tabela 13, o grau de parentesco médio é mais elevado quando os animais se encontram na mesma exploração (17.29%), e menor quando os animais são de explorações diferentes (0.10 %).

Tabela 13 – Parentesco médio (%) consoante a exploração de origem dos animais.

Exploração de origem	Parentesco médio (%)
Entre todos os animais	0.16 ± 0.12
Animais de explorações diferentes	0.10 ± 0.77
Animais da mesma exploração	17.29 ± 11.41

Relativamente ao grau de parentesco médio intra-exploração, verificou-se que 47.8% das explorações atingiu valores superiores ou iguais a 22.5% (Figura 24) e que em 3 explorações o grau de parentesco médio intra-exploração foi superior a 60%.

Do total de 294 explorações, cada exploração relaciona-se, em média, com 51.46 explorações e há 8 explorações que não se relacionam com nenhuma outra exploração (Figura 25). Por outro lado, a maioria das explorações (69.4%) relaciona-se com entre 10 e 85 explorações, havendo 6 explorações que se relacionam com mais de 160 explorações.

Entre animais de diferentes explorações, a média do parentesco global foi inferior a 0.1% e nunca superou os 0.5% (Figura 26). Além disso, verificou-se que 8 explorações não se relacionam com nenhuma outra e que 61 explorações (20.7%) atingiram um parentesco médio de 0.025%.

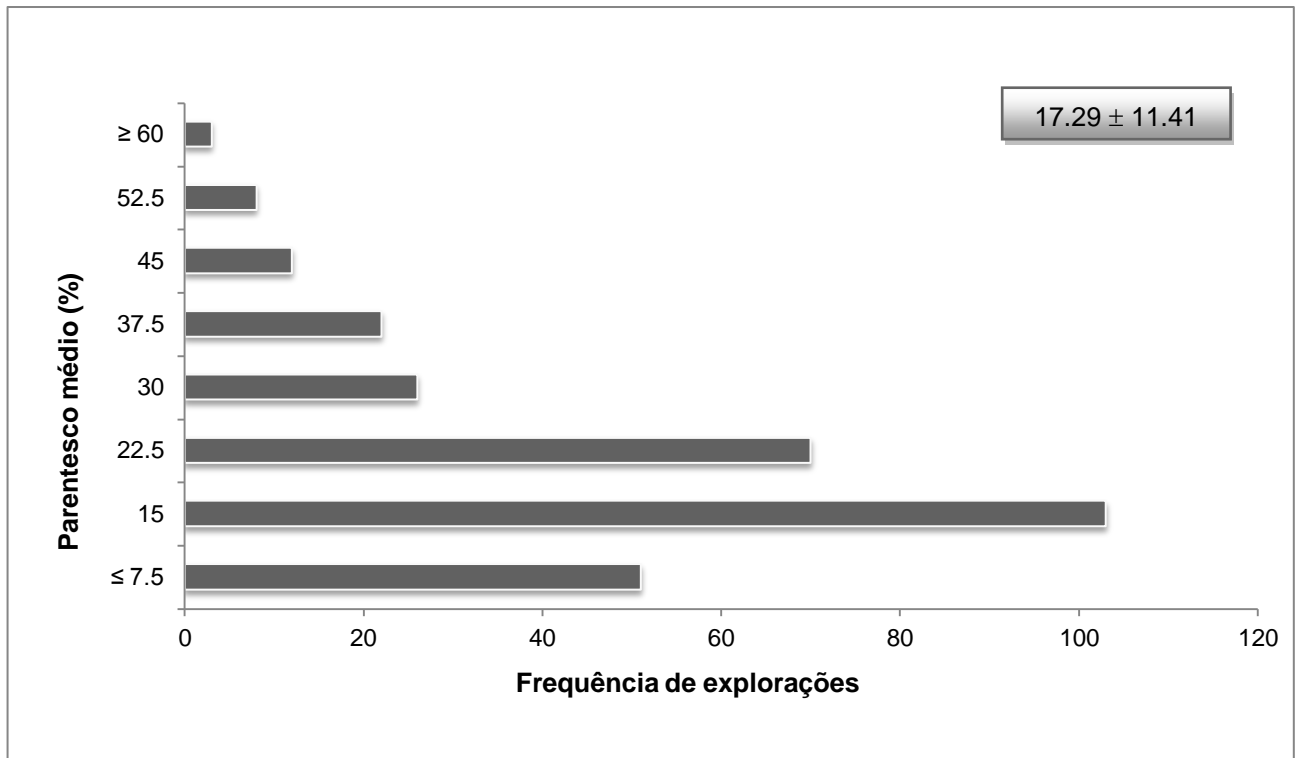


Figura 24 – Distribuição do parentesco médio intra-exploração (%).

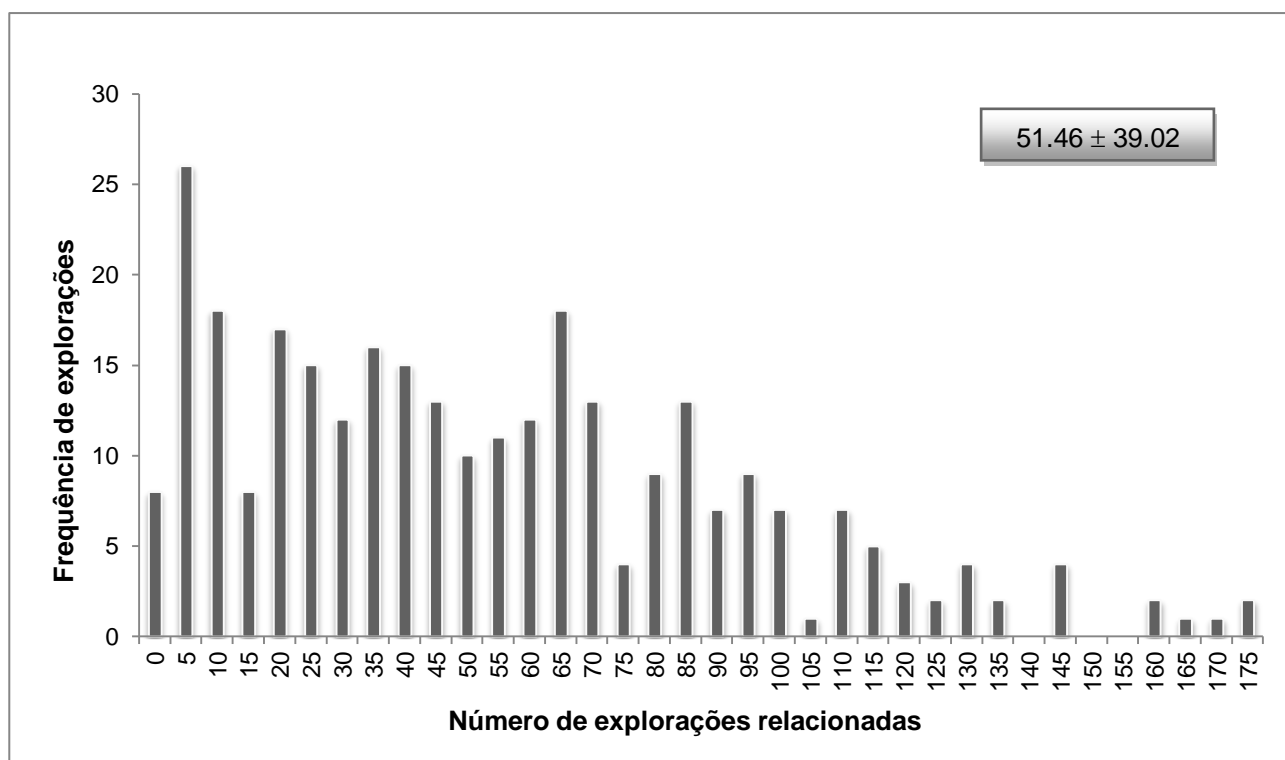


Figura 25 - Distribuição do número de explorações com que cada exploração se relaciona.

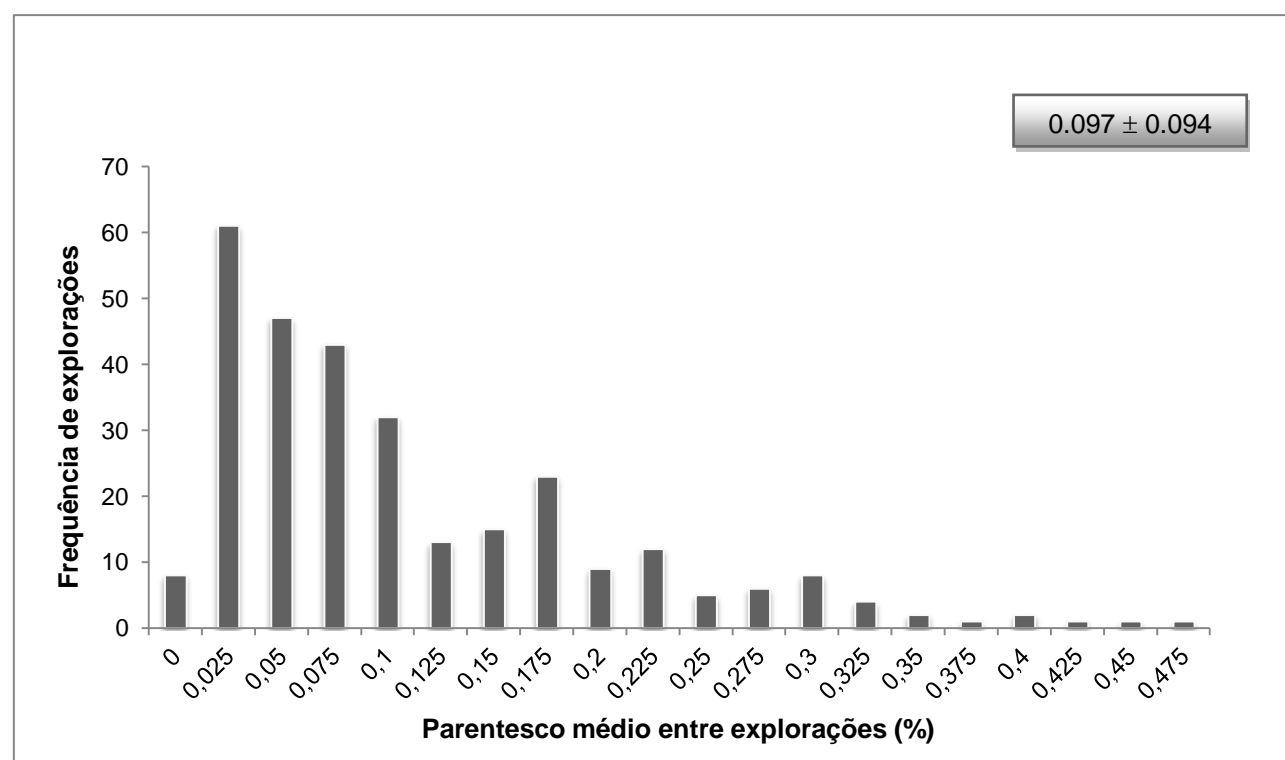


Figura 26 - Distribuição da relação média de parentesco entre explorações (%).

6.3) Gerações equivalentes e índice de conservação genética

O número de gerações equivalentes conhecidas é de 1.91 gerações na população total e de 2.84 gerações na população referência. Em média, observou-se um aumento de 0.28 gerações conhecidas por ano (Tabela 14), o que significa que houve uma evolução no grau de conhecimento das genealogias.

O índice de conservação genética (GCI) foi de 3.56 animais fundadores na população total e de 5.72 animais fundadores na população referência (Tabela 12), o que indica que cada animal da população atual tem uma representação equitativa de, aproximadamente, 6 fundadores. A variabilidade entre animais no GCI estimado foi relevante, com um coeficiente de variação de cerca de 50% na população total e 35% na população de referência. Desde o ano de 2003 até ao ano de 2010 tem-se verificado uma tendência para o aumento do valor do índice de conservação genética (Figura 27), assim como a sua variabilidade, que tem aumentado de ano para ano.

Tabela 14 – Variações anuais da consanguinidade média (F em %), do parentesco médio (a_{ij} em %) e do número de gerações equivalentes (EqG).

	Δ anual
Consanguinidade média (F em %)	0.53 ± 0.0047
Parentesco médio (a_{ij} em %)	0.03 ± 0.00009
Nº gerações equivalentes (EqG)	0.28 ± 0.0004

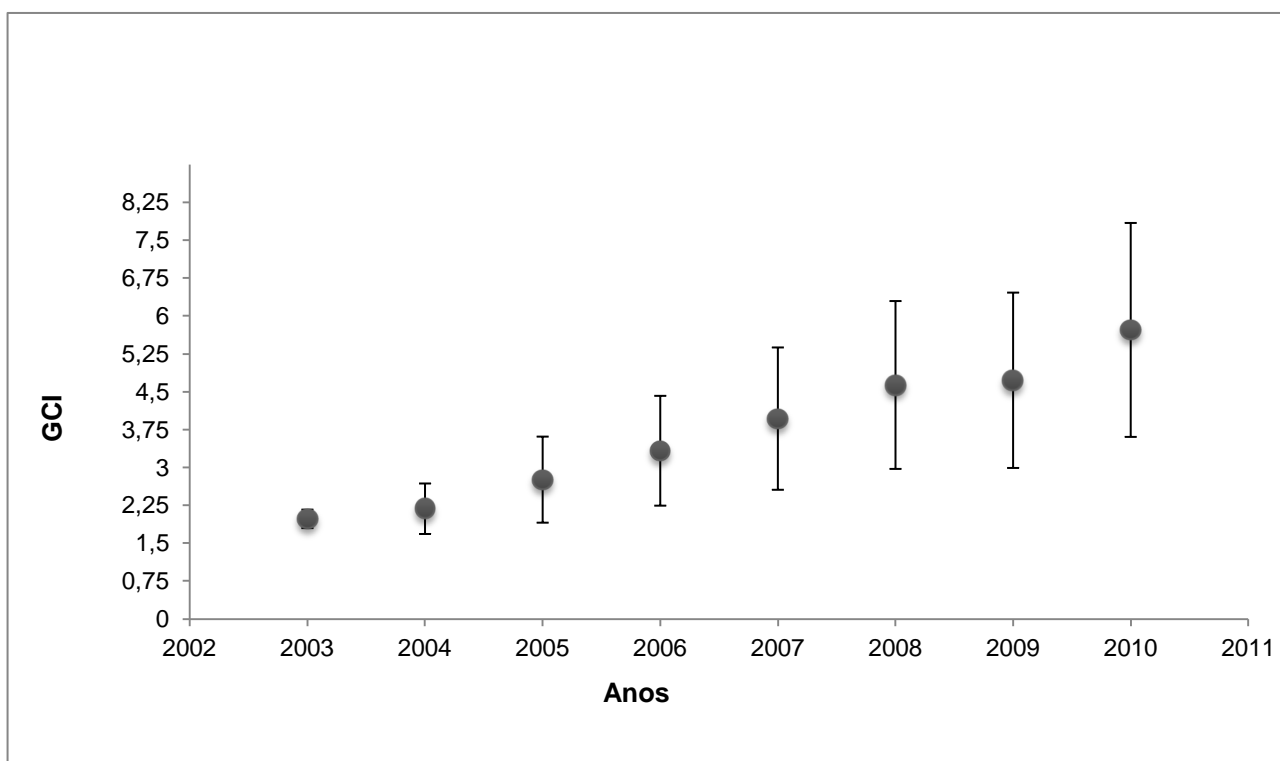


Figura 27 – Evolução do Índice de Conservação Genética (GCI) médio por ano.

6.4) Evolução no tempo

Ao longo do período considerado observou-se um aumento da consanguinidade (Figura 28), com uma taxa de consanguinidade anual de 0.53% por ano de nascimento e um aumento anual de 0.03% do grau de parentesco (Tabela 14).

Na tabela 15 estão representadas as diferentes estimativas da taxa de consanguinidade por cada geração ($\Delta F/g$), e, a partir destas e para cada uma delas, calculou-se o tamanho efetivo da população.

Globalmente, as estimativas da taxa de consanguinidade por geração foram bastante próximas entre si, atingindo valores entre 1.79% – 2% por geração, de que resulta um valor estimado para o tamanho efetivo da população entre 25 e 28 animais.

Tabela 15 – Diferentes valores do tamanho efetivo da população (N_e) obtidos consoante as diferentes taxas de consanguinidade por geração (ΔF em %).

Cálculo do valor de N_e com base em:	$\Delta F/g$ (%)	N_e
Pelo ano de nascimento e intervalo de gerações	1.79	28.01
Pelo aumento de consanguinidade individual	1.89	26.76
Nº gerações equivalentes	2.00	25.05

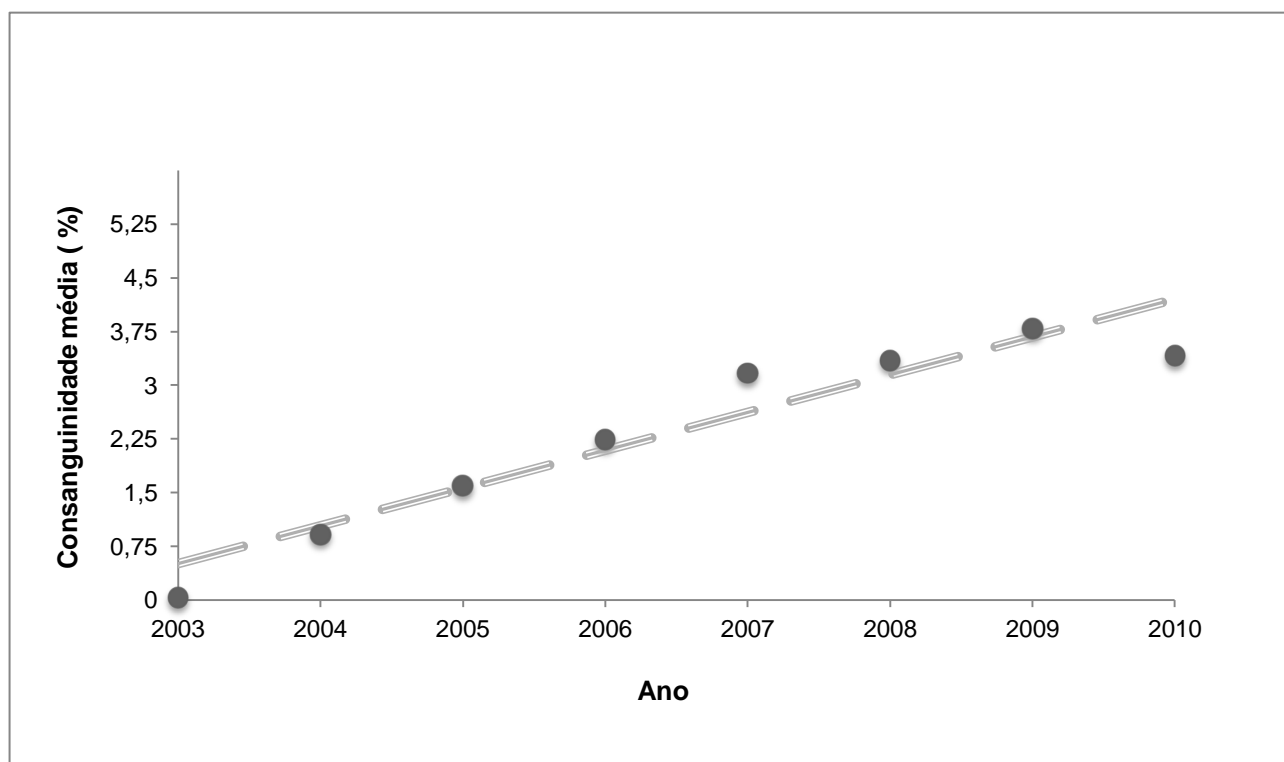


Figura 28 - Consanguinidade média (%) por ano.

7. Influência das principais explorações

De um total de 294 explorações, apenas 154 explorações se consideram como explorações fundadoras na população de referência (Tabela 16), cuja contribuição acumulada se pode encontrar na figura 29. Destas 154 explorações fundadoras, 10 explicam 50% do património genético da raça Alentejana, onde a maior contribuição foi do Centro de Experimentação do Baixo Alentejo, com 12.78%. O número efetivo de explorações fundadoras obtido foi de 26.1 explorações, reforçando a ideia de que um pequeno número de explorações contribui para grande parte do património genético da raça (Tabela 16).

Tabela 16 – Resumo do número total (fundadores, ascendentes e explorações fundadoras), número efetivo (fundadores, ascendentes, explorações fundadoras e genomas fundadores) e do número de animais que explica 50% do património genético (fundadores, ascendentes e explorações fundadoras), na população total e na população de referência.

		População Total (n= 371 112)	População de Referência (n= 36 846)
Nº total	Fundadores (N_f)	8 790	2 206
	Ascendentes (N_a)	7 125	2 147
	Explorações fundadoras (N_{exp})	154	154
Nº efetivo	Fundadores (N_{ef})	737	252
	Ascendentes (N_{ea})	723	234
	Explorações fundadoras (N_{exp})	-	26.1
	Genomas fundadores (N_{eg})	628.2	156.8
Nº explicando 50%	Fundadores (N_{f50})	327	118
	Ascendentes (N_{a50})	301	106
	Explorações fundadoras (N_{exp50})	-	10

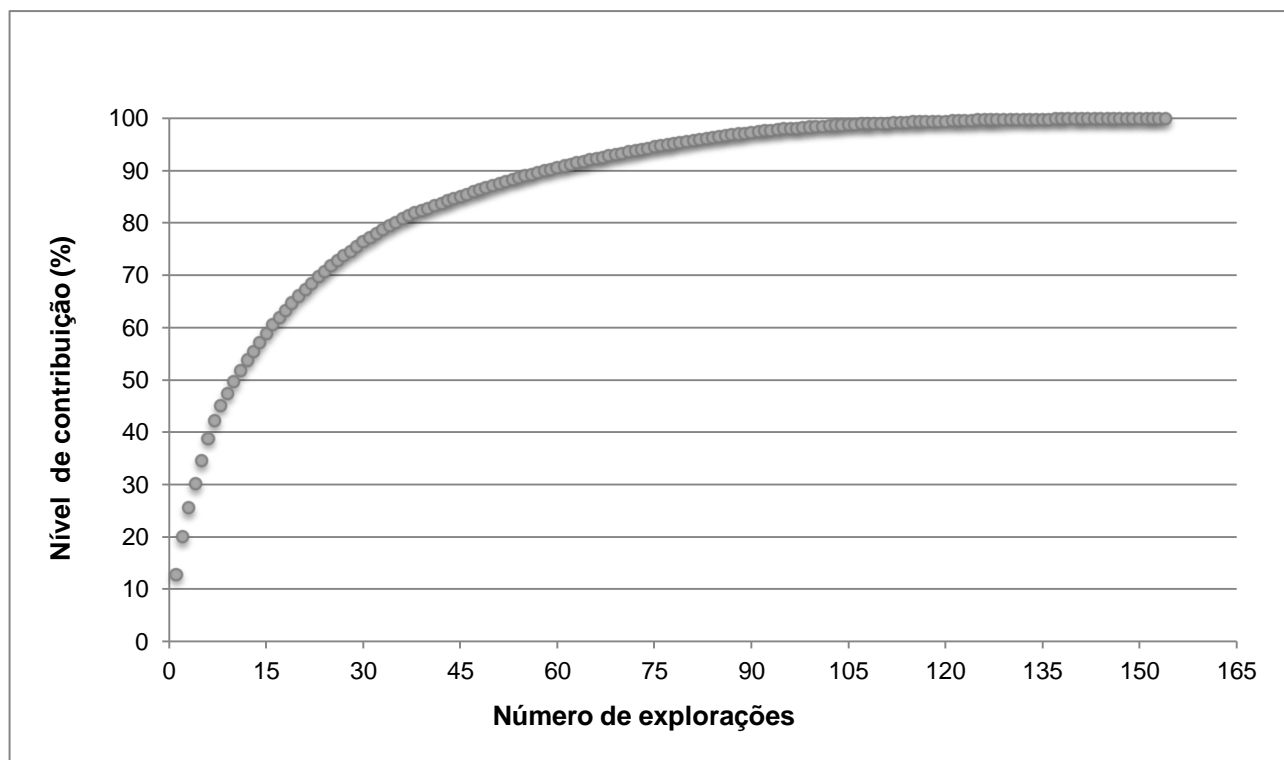


Figura 29 - Contribuição individual das explorações na população referência.

Do total de 294 explorações existentes na raça suína Alentejana, existem 211 explorações que fornecem pais, seguido pelos avôs, com 120 explorações fornecedoras e bisavôs, com 59 explorações fornecedoras (Figura 30). Isto implica que existem 83 explorações que compram unicamente os pais ao exterior, 174 explorações em que os avôs são de origem externa e 235 explorações em que os bisavôs são de origem externa.

Naturalmente, o número efetivo de explorações fornecedoras - número de explorações necessárias para alcançar a diversidade genética da raça que existe atualmente, se a contribuição de cada exploração fosse feita de forma igual – é menor que o número total de explorações fornecedoras. Ou seja, se as contribuições entre explorações fossem feitas de forma equitativa, bastavam 47.4 explorações fornecedoras de pais, 24.2 explorações fornecedoras de avôs e 15.4 explorações fornecedoras de bisavôs para se alcançar o património genético atual.

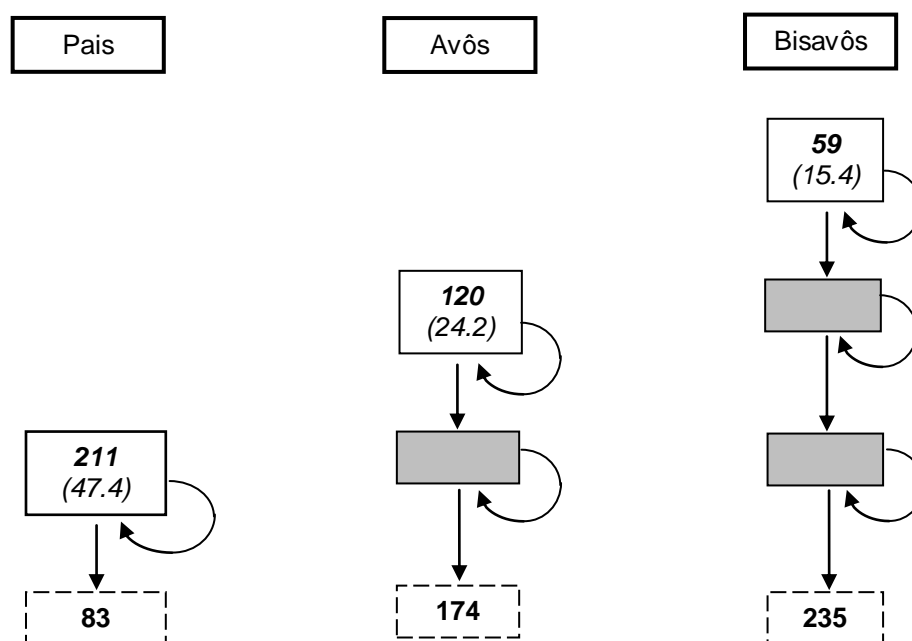


Figura 30 – Número de explorações fornecedoras (itálico e negrito), número de explorações fornecedoras efetivas (itálico) e explorações exclusivamente adquirentes (negrito) de pais, avôs e bisavôs na raça suína Alentejana.

8. Contributo de fundadores e ascendentes para a população atual

Pela tabela 16, pode verificar-se que, dos 371 112 animais que constituem a população total, 8 790 são animais fundadores (2.37%) e 7 125 são animais ascendentes (1.92%) da população. Se a contribuição de cada indivíduo para o património genético da raça fosse feito de forma equitativa, apenas seriam precisos 737 animais fundadores e 723 animais ascendentes para alcançar a atual diversidade genética da população total.

Fazendo o balanço do número de animais que explicam 50% do património genético da população total, verifica-se que existe uma grande influência de um pequeno grupo de animais no património genético da raça, de tal forma que 327 animais fundadores explicam 50% do património genético da raça e 301 animais ascendentes explicam 50% do património genético da raça.

Já na população de referência, constituída por 36 846 animais, 2 206 animais são fundadores (5.99%) e 2 147 animais são ascendentes (5.83%) da população. O número efetivo de fundadores e ascendentes estimados para a população de referência foi de 252 e 234 animais, respetivamente.

Da totalidade da população, apenas 118 animais fundadores explicam 50% do património genético da população de referência e 106 animais ascendentes explicam 50% do património genético da população de referência.

O número efetivo de genomas fundadores é de 628.2 genomas para a população total e de 156.8 para a população referência (Tabela 16).

Pelas figuras 31 e 32 observa-se que na população total a diversidade genética é bastante maior que na população de referência. Isto pode ser explicado pelo fato da evolução da contribuição acumulada dos fundadores e ascendentes na população total ser mais gradual do que na população de referência, onde é bastante acentuada, mas também porque existe um maior número de animais fundadores e ascendentes que explicam 50% do património genético da raça na população total.

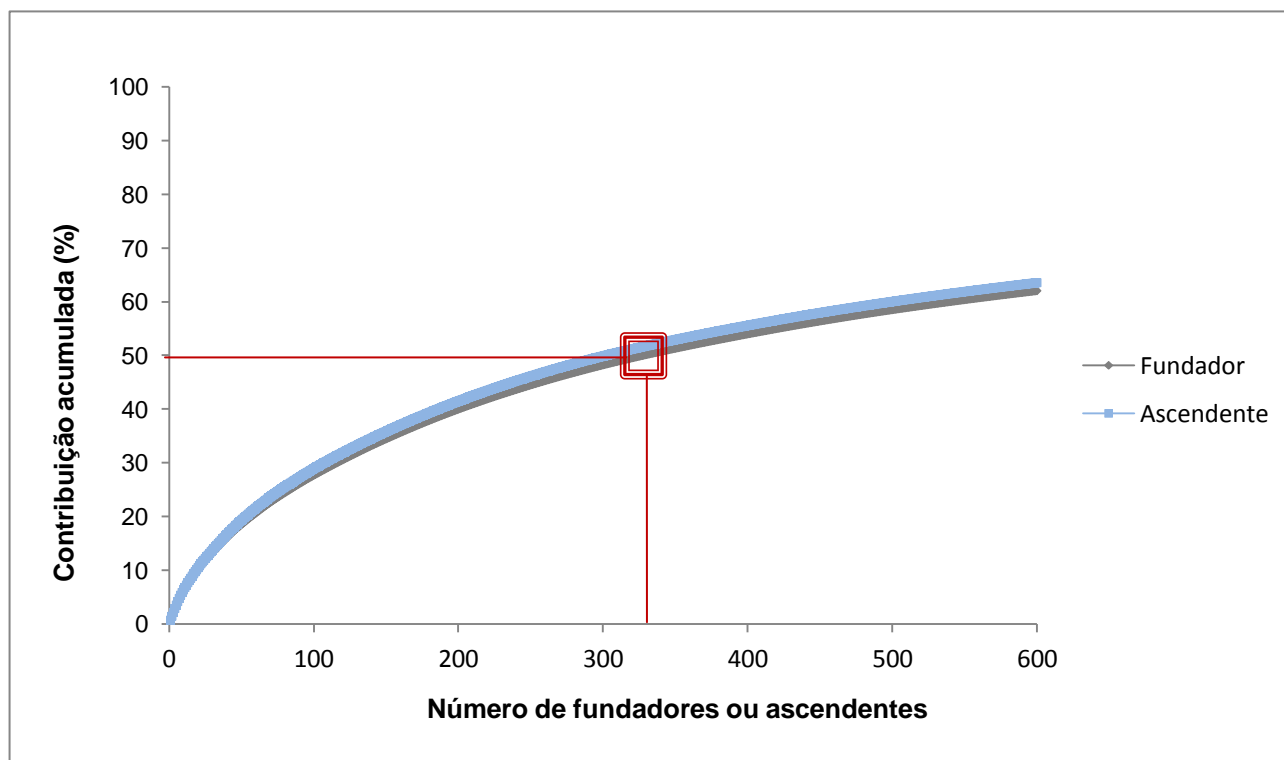


Figura 31 - Contribuição acumulada (%) dos fundadores e ascendentes na população total. O quadrado a vermelho sinaliza o número de animais que explica 50% do património da população total.

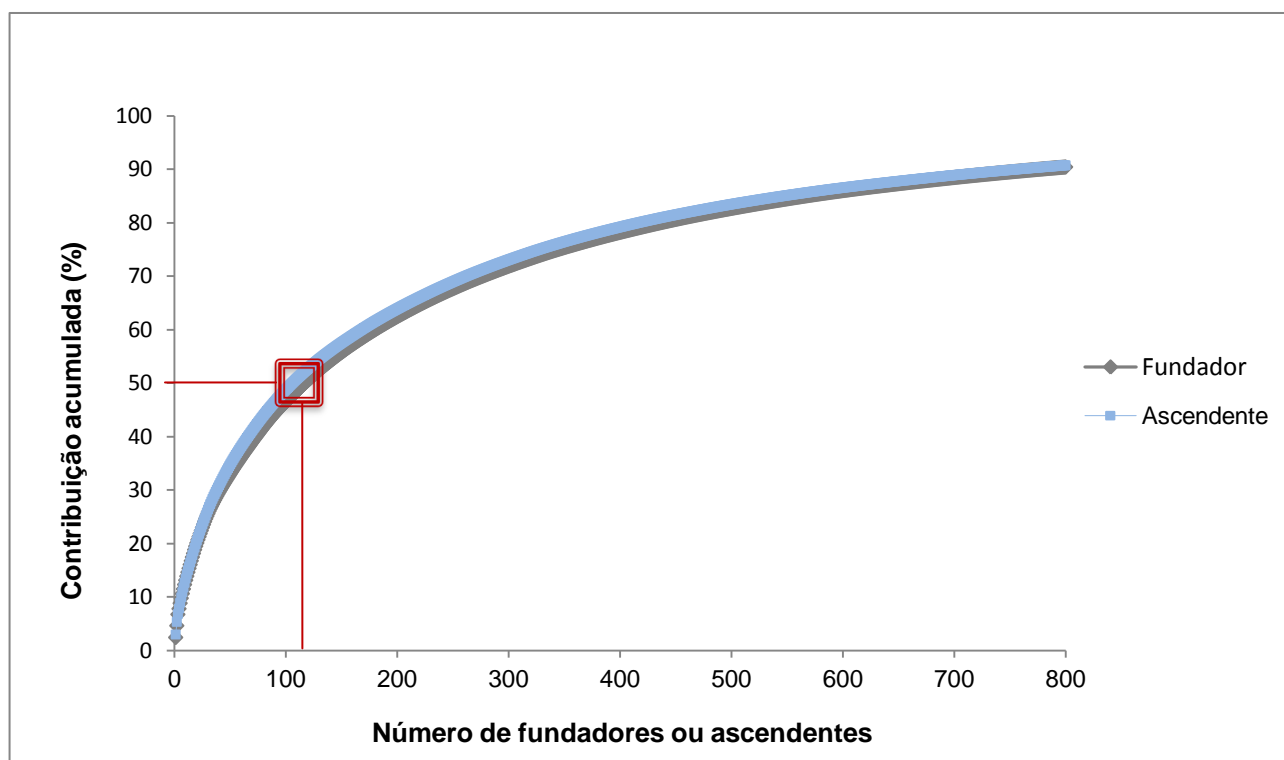


Figura 32 - Contribuição acumulada (%) dos fundadores e ascendentes na população referência. O quadrado a vermelho sinaliza o número de animais que explica 50% do património da população de referência.

DISCUSSÃO

Para se aplicar um programa de conservação e melhoramento genético nas espécies domésticas é preciso que haja um grande esforço no sentido de se obter um equilíbrio entre a seleção intensiva de um pequeno número de animais de uma determinada população e a manutenção da sua variabilidade genética (Weigel, 2001). Por essa razão, a manutenção da variabilidade genética pode ser considerada como uma base muito importante no que diz respeito a estabelecer programas de conservação e melhoramento animal.

Nas duas últimas décadas têm sido feitos inúmeros esforços no combate à erosão genética dos recursos animais, focados principalmente na sua conservação (FAO, 2013).

Antes de se aplicar qualquer programa de conservação é preciso ter-se em conta alguns aspetos como o risco de extinção de uma raça e a necessidade de se preservar a variabilidade genética intra-raacial. Posteriormente, estes irão traduzir-se numa necessidade de prever ou introduzir esquemas de acasalamento que minimizem o aumento da consanguinidade na população (Gama, 2006). Um dos propósitos da caracterização genética por análise demográfica é esse mesmo e esta tem vindo a ser muito utilizada em populações de animais domésticos (Pinheiro, Kjölleström & Oom, 2013). Existem inúmeros exemplos de espécies onde um estudo deste tipo já foi feito, como por exemplo:

- ❖ Suínos: Landrace e Pietrain Belga (Janssens, Depuydt, Serlet & W, 2005), Landrace Francês e Large White (Maignel, Tribout, Boichard, Bidanel & Guéblez, 1998), raças locais francesas, como o Basco e o Limousin (Maignel & Labroue, 2001) ou Duroc, Hampshire e Lacombe (Melka & Schenkel, 2010);
- ❖ Lagomorfos: Coelho branco Pannon sintético (Nagy *et al.*, 2009) ;
- ❖ Equídeos: Burro da Catalunha (Folch & Jordana, 1998), Cavalo Árabe Espanhol (Cervantes, Molina, Goyache, Gutiérrez & Valera, 2008), Cavalo Sorraia (Pinheiro *et al.*, 2013) e Cavalo Lusitano (Vicente *et al.*, 2012);
- ❖ Bovinos: Sindi (Faria, Filho, Madalena, & Josahkian, 2004);
- ❖ Ovinos: Zandi (Ghafouri-Kesbi, 2010), Afshari (Ghafouri-Kesbi, 2012) e Xalda das Astúrias (Goyache *et al.*, 2003);
- ❖ Caprinos: Moxotó, Azul, Canindé e Graúna (Lima *et al.*, 2007);
- ❖ Canídeos: Akita Inu, Boxer, Chow chow, Golden Retriever, Pastor Alemão, Bulldog Inglês (Leroy, 2011), Cão de Fila de S. Miguel (Cruz, 2006).

A compilação e a análise dos registos existentes na base de dados da raça Suína Alentejana permitem realçar pontos de interesse para a conservação e manutenção da variabilidade genética, essencialmente no que diz respeito à gestão dos efetivos da raça, tentando auxiliar da melhor forma, a escolha dos esquemas de seleção e acasalamentos apropriados (Vicente, 2005).

Os nossos resultados na raça suína Alentejana (RSA) indicam que o número de gerações conhecidas tem vindo a aumentar, de tal forma que em 2003 haviam apenas 0.98

gerações conhecidas e em 2010 já se conheciam 2.84 gerações. No entanto, estas 2.84 gerações conhecidas na população de referência representam aproximadamente metade das 4.2 gerações conhecidas na população de referência do Malhado de Alcobaça (MA) (Carolino, Gama & Vicente, 2008). No Duroc (DC) e Landrace (LR), o número de gerações conhecidas é bastante mais elevado que na RSA, com 33 gerações conhecidas no DC e 29 gerações conhecidas no LR (Melka & Schenkel, 2010). É natural que isto aconteça, uma vez que são raças muito mais trabalhadas e estudadas, o que implica que tenham mais informação disponível, e, por isso se conheça um maior número de gerações. Isto porque o número de gerações conhecidas depende muito da quantidade de informação disponível: quanto mais informação houver, maior o número e grau de conhecimento das genealogias (Maignel, *et al.*, 1998).

Embora o grau de preenchimento das genealogias seja bastante completo na população de referência da RSA, onde 100% de pais e mães são conhecidos, o grau de conhecimento dos ascendentes vai diminuindo de forma acentuada, de tal maneira que só se conhecem 58.65 - 70.52% dos bisavôs (/bisavós). Isto não acontece com o MA, onde na geração dos bisavôs e bisavós se conhecem 96.2 – 100% dos ascendentes (Vicente, 2005). Tal como se pode ver na tabela 17, na primeira geração da população de referência, quer do DC ou do LR, o grau de preenchimento das genealogias é de 100% e vai decrescendo muito gradualmente e de forma pouco acentuada, de tal maneira que ainda se conhecem 84.7% e 81.7% dos bisavôs (/bisavós), e à quinta geração ainda se conhecem 72.2% e 64.8% dos ascendentes no DC e no LR, respetivamente.

Tabela 17 – Grau de preenchimento de genealogias (%) na população referência da Raça Suína Alentejana (RSA), Duroc (DC) e Landrace (LR) (2006 -2008, Adaptado de Melka & Schenkel (2010)).

% de ascendentes conhecidos	RSA	DC	LR
1ª geração	100	100	100
3ª geração	58.65 – 70.52	84.7	81.7
5ª geração	0.19 – 4.52	72.2	64.8

Para um maior conhecimento das genealogias, Groeneveld *et al.* (2010) recomendam que se faça uma reavaliação de dados de forma periódica e consistente, pelo menos uma vez por geração (aproximadamente de 3 em 3 anos).

Ao comparar o intervalo de gerações médio entre a RSA, o MA e a raça Bísara (RB), conclui-se que o MA é o que tem maiores intervalos, seguida pela RSA e depois pelo RB, com 2.62, 2.17 e 1.48 anos respetivamente (Tabela 18).

No caso da RB, o intervalo entre gerações é bastante inferior aos restantes, uma vez que os leitões são considerados como uma fonte de rendimento e os porcos são abatidos para enchidos bastante cedo.

Gama (2002), refere que no caso dos suínos, o intervalo entre gerações normal é de 1.5 anos, valores claramente inferiores aos estimados para a RSA.

Um intervalo médio entre gerações muito longo pode ocorrer pelo facto dos animais permanecerem mais tempo na exploração do que o que deviam e de, possivelmente, haver uma baixa taxa de substituição dos animais em produção (Janssens, *et al.*, 2005). Quando comparada com raças seleccionadas intensivamente, como é o caso do DC e do LR, verifica-se que a RSA possui um intervalo entre gerações de quase o dobro (Tabela 18). Isto acontece porque as raças de produção intensiva referidas são raças comerciais, bastante mais direccionadas para produtividade propriamente dita, e onde recorrendo a uma taxa de substituição mais elevada (portanto com um intervalo entre gerações mais curto) se tira partido da seleção mais rapidamente.

Tabela 18 – Intervalo de gerações médio na Raça Suína Alentejana (RSA), Malhado de Alcobaça (MA), raça Bísara (RB) Pietrain (PI), Duroc (DC) e Landrace (LR).

Intervalo entre gerações médio					
Raças autótones			Raças estrangeiras		
RSA	MA*	RB**	PI***	DC****	LR****
2.17	2.62	1.48	3.15	1.60	1.65

* Retirado de Vicente (2005); **Retirado de: Fernandes, Malovrh, Kovac, & Cadavez (2003); ***Retirado de: Janssens, Depuydt, Serlet, & W. (2005); ****Retirado de: Melka & Schenkel (2012).

A discriminação dos intervalos de gerações consoante o tipo de ligação, pai-filho, pai-filha, mãe-filho ou mão-filha podem ser importantes como uma ferramenta muito útil na escolha de esquemas de seleção pelos produtores (Janssens *et al.*, 2005). Se, por um lado, um intervalo médio entre gerações curto permite aplicar e beneficiar mais rapidamente do progresso genético na raça (Maignel *et al.*, 1998), como será o caso do DC e LR, por outro lado, um intervalo entre gerações elevado pode reflectir a existência de algum tipo de estratégia para conservação da raça (Janssens *et al.*, 2005).

Na população de referência, tal como se pode ver na tabela 19, a RSA apresenta 32.85% de animais consanguíneos e o MA apresenta 98 % (Carolino *et al.*, 2008). Os coeficientes de consanguinidade média das populações de referência de cada uma das raças são de 3.41% e 9.03% (Carolino *et al.*, 2008) para a RSA e MA, respetivamente.

Tabela 19 – Resumo da % de animais consanguíneos, consanguinidade média (%), grau de parentesco médio (%) nas Raças suínas Alentejana e Malhado de Alcobaça (população de referência).

	RSA	MA*
Animais consanguíneos (%)	32.85	98
F médio (%)	3.41	9.03
Grau de parentesco médio (%)	0.25	-

*Retirado de: Carolino, Gama & Vicente (2008).

Apesar do coeficiente de consanguinidade médio não ser muito alto, é preciso ter em atenção à taxa de consanguinidade observada na raça, que foi de 0.53% por ano. Embora a RSA não tenha um aumento tão acentuado como no caso do MA (0.76%/ano), estes resultados traduzem uma necessidade de dar maior atenção à gestão da consanguinidade, nomeadamente evitando acasalamentos entre parentes com um elevado grau de proximidade.

Apesar disso, estes valores merecem ser devidamente ponderados, pois, se não se tomarem medidas para atenuar, ou até mesmo travar este aumento da consanguinidade, a raça Alentejana atingirá valores incompatíveis com níveis de produção aceitáveis e com a desejável manutenção da diversidade genética.

Existem numerosos estudos que referem que a consanguinidade traz algumas consequências negativas (Falconer & Mackay, 1996) não só no que diz respeito aos aumentos de peso (Fernández, Rodrigáñez, Toro, Rodriguez & Silió, 2002), mas também ao peso total da ninhada, peso médio dos leitões ao nascimento e engorda, conformação dos membros e aspetos reprodutivos, como o tamanho da ninhada (Bereskin *et al.*, 1970).

Mais ainda, Bereskin *et al.* (1970), demonstraram que a consanguinidade da ninhada afeta negativamente o peso médio por leitão ao nascimento: por cada aumento de 10% na consanguinidade da ninhada é esperado um decréscimo de 400 g do peso vivo (PV) médio dos leitões. Igualmente depreciativo e indesejável é o nível de consanguinidade das porcas, que se reflete não só no número total de porcos criados, número de nados vivos, peso ao nascimento da ninhada e o peso vivo médio por leitão criado, mas também mais tarde na engorda desses leitões, de tal forma que por cada aumento de 10% da consanguinidade da porca, espera-se que haja um decréscimo do número de nados vivos na ordem dos 0.19 – 0.29 leitões e do número de leitões engordados em 0.16 – 0.21 leitões (Köck, Fürst-Waltl, & Baumung, 2009). Existem também registos de outros efeitos negativos da consanguinidade, como a baixa taxa de maturidade sexual (Hauser *et al.*, 1952; Squiers *et al.*, 1952; Donald, 1955 citados por Mikami, Fredeen & Sather 1977), maiores probabilidades de mortes embrionárias (Squiers *et al.*, 1952 citados por Mikami *et al.*, 1977) e menor taxa de crescimento no período pós - nascimento (Dickerson *et al.*, 1954 citados por Mikami *et al.*, 1977).

É também importante frisar que a consanguinidade afeta negativamente a carcaça dos animais, em que um aumento de 1% da consanguinidade no animal, leva a uma redução de 0.03 mm da espessura da gordura dorsal e a uma redução de 0.04 mm da espessura da gordura do flanco (King & Roberts, 1959 citados por Mikami *et al.*, 1977).

Quanto maior for a percentagem de consanguinidade do animal, maior poderá ser a sua suscetibilidade a doenças e por isso, dificilmente o animal conseguirá atingir o seu potencial de produção (Bradford, Chapman & Grummer, 1958). Isto acontece porque o crescimento, lactação, fertilidade e sobrevivência dos animais é afetado (Weigel, 2001).

Apesar da RSA não apresentar valores de consanguinidade médios tão altos como os de algumas variedades do porco Ibérico, nomeadamente Guadyerbas e Torbiscal, em que os coeficientes atingem valores de, respetivamente, 35% e 15% (Alves, Barragán & Toro, 2008), é importante ter esta informação em conta, dada a importância económica e a excelência dos produtos obtidos através da produção da RSA em montado.

Além da avaliação do coeficiente de consanguinidade, é aconselhável a avaliação de outro parâmetro igualmente importante na caracterização de uma população: o tamanho efetivo da população (N_e). Este N_e corresponde ao número de reprodutores que resultaria na perda de diversidade genética que está a ser observada, se esses reprodutores fossem utilizados de forma “ideal” (igual número de machos e fêmeas, uniformidade no tamanho das famílias, ausência de seleção, etc.). O N_e varia tanto entre espécies como dentro da mesma espécie, tendo por exemplo sido relatados valores de N_e de 64 - 127 animais para bovinos de leite (MacParland *et al.*, 2009), 65 - 231 animais nas raças ovinas francesas (Danchin – Burge *et al.*, 2010) e 74 - 113 animais para raças suínas dos E.U.A. (Welsh *et al.*, 2010).

A recomendação mínima da FAO (1998) para este parâmetro é de 50 ($N_e \geq 50$) e este valor é usado para caracterizar o estado de risco das raças domésticas, de forma que se possam evitar perdas adicionais de diversidade genética (FAO, 1998, Meuwissen & Woolliams, 1994) e que se consigam suportar os efeitos negativos da consanguinidade.

Resumidamente, este valor representa o limite para o qual o risco de erosão genética é aceitável e só assim se pode determinar se a população está fora do limite crítico para sobrevivência da raça ou não (Li *et al.*, 2009). É importante realçar que o N_e está diretamente relacionado com a taxa de consanguinidade e que esta se relaciona com a variabilidade genética, já que é proporcional à consanguinidade acumulada (Falconer e Mackay, 1996, Caballero e Toro, 2000).

Neste estudo, os valores estimados para o N_e na RSA estiveram entre 25 e 28 animais, dependendo da forma como foi estimada a taxa de consanguinidade.

Tal como se pode ver pela tabela 20, o valor estimado para o tamanho efetivo da RSA é muito próximo ao do MA, com 25 animais. Estes valores representam pouco mais de metade do que é recomendado pela FAO, o que traduz um sério risco de perda de diversidade genética como resultado da evolução da consanguinidade. Quanto às outras

raças apresentadas na tabela 20, pode verificar-se que a raça Hampshire (HP) apresenta um valor estimado para o tamanho efetivo da população de 14 animais, bastante mais baixo ao da RSA e ao recomendável, encontrando-se desta maneira em risco de erosão genética. Em contraste, a Lacombe (LC), o DC e o LR apresentam valores estimados superiores ao da RSA, mas apenas o DC e o LR superam os valores recomendados pela FAO (tabela 20).

Tabela 20 – Tamanho efetivo e taxa de consanguinidade por geração na raça suína Alentejana (RSA), Malhado de Alcobaça (MA), Lacombe (LC), Hampshire (HP), Duroc (DC) e Landrace (LR).

Raça	N_e	$\Delta F/g$ (%)
RSA	25 – 28	1.79 - 2
MA*	25	1.99
LC**	36	1.4
HP**	14	3.6
DC**	72	0.69
LR**	125	0.40

* Retirado de Vicente (2005); ** Retirado de Melka e Schenkel (2010).

Um outro parâmetro que também se deve ter em conta é a taxa de consanguinidade por geração. Na RSA, ocorre um aumento de 1,79%-2% da consanguinidade em cada geração (Tabela 20), dependendo da forma como foi calculada. O valor obtido para a RSA assemelha-se muito com o do MA (1.99%). A FAO (1998) recomenda que a variação da consanguinidade por geração não deve ultrapassar os 0.50%-1%. Portanto, e de acordo com o que foi referido, todas as raças mencionadas na tabela 20, à exceção do LR e do DC, apresentam taxas de consanguinidade por geração bastante superiores aquela que se considera aceitável.

Uma vez que a variação da consanguinidade na RSA é relativamente alta e o valor do N_e é bastante baixo em relação ao recomendado, a sobrevivência desta raça pode estar comprometida, devido à ocorrência da depressão consanguínea, que poderá traduzir-se na redução do *fitness* individual e na perda de capacidade de adaptação em ambientes diferentes (Férmendez *et al.*, 2012).

Baixar a taxa de consanguinidade, reduzindo os acasalamentos entre animais relacionados, ou introduzir animais de outra exploração, pode ser uma solução para aumentar o tamanho efetivo da população (Melka & Schenkel, 2012). Outra sugestão para maximizar os valores de N_e pode passar por tentar equilibrar a contribuição dos diferentes reprodutores e aumentar o intervalo de gerações (Folch & Jordana, 1998).

Outras formas possíveis de controlar a consanguinidade incluem nomeadamente:

- ❖ Restrições no tamanho da família: Restrição do número de varrascos e/ou

porcas seleccionadas dentro da mesma família ou restrição da selecção de animais aparentados (Weigel, 2001);

- ❖ Restrições na forma de acasalamento, evitando acasalamentos entre animais com um grau de parentesco demasiado próximo;
- ❖ Criação de sublinhas: Fernández *et al.* (2012) consideram que pode ser eficaz a selecção dentro de cada linha e subsequentemente fazer-se o cruzamento entre linhas;
- ❖ Programas de acasalamento e modificações ao BLUP, que permitam reduzir a possibilidade de indivíduos aparentados serem seleccionados.

É importante fazer-se uma recolha de toda a informação genealógica em cada exploração, a partir da qual se podem estimar diferentes parâmetros demográficos, nomeadamente: número de leitões registados, parentesco médio dentro da exploração, parentesco médio com outras explorações, número de explorações relacionadas, número de fundadores representados, número de ascendentes únicos na exploração e número médio de gerações conhecidas. Desta maneira, torna-se mais fácil identificar as explorações mais interligadas (ou com maior grau de parentesco inter-exploração) ou com maior contributo para o património genético da raça. Assim é possível evitar o acasalamento entre parentes próximos e favorecer o intercâmbio de animais com outras explorações.

Na tabela 20, encontra-se resumido: o número de total e efetivo de fundadores (N_f e N_{ef} , respectivamente), o número de total e efetivo de ascendentes (N_a e N_{ea} , respectivamente), o número efetivo de genomas fundadores (N_{eg}) e o número de fundadores e ascendentes que contribuem com 50% do património genético (N_{f50} e N_{a50} , respectivamente) em duas raças autóctones (Alentejano e Malhado de Alcobaça) e em quatro raças exóticas (DC, LR, HP e LC), bem como os rácios N_{ef}/N_f , N_{ef}/N_{ea} e N_{eg}/N_{ef} .

Idealmente, se todos os fundadores estivessem representados na população e se tivessem todos a mesma contribuição genética, o rácio entre N_{ef}/N_f seria igual a 1 (Boichard *et al.*, 1997).

Analisando a relação N_{ef}/N_f , verifica-se que, no caso da RSA, este valor é bastante baixo (0.11), indicando a ocorrência de afunilamentos na população, de tal forma que a contribuição dos fundadores ao longo do tempo não foi equilibrada e que poderá ter havido um uso desproporcionado de um determinado grupo de animais (Folch & Jordana, 1998). Esta teoria é suportada pelo número de animais fundadores que explica 50% do património genético, que representa apenas 5.34% da totalidade dos animais fundadores representados na população de referência. Dentro das raças autóctones, o MA apresenta-se numa posição mais favorável do que a RSA, em que 6.94% dos fundadores contribuem para 50% do património genético da raça, implicando desta forma a existência de uma variabilidade genética maior no MA. Ainda assim, em ambas as raças autóctones, existe claramente um pequeno número de animais fundadores a contribuírem para metade do

património da raça, na população de referência. Comparativamente, terá havido uma contribuição mais desproporcional nas raças LR e HP, no Canadá, o que salienta a necessidade de gerir o património genético de forma a evitar a ocorrência de estrangulamentos, de forma a evitar perdas adicionais da diversidade genética.

Tabela 21 – Resumo do número de total e efetivo de fundadores (N_f e N_{ef}), número de total e efetivo de ascendentes (N_a e N_{ea}), número efetivo de genomas fundadores (N_{eg}) e número de fundadores e ascendentes que contribuem para 50% do património genético (N_{f50} e N_{a50}) nas raças suínas autóctones e nas raças exóticas (DC e LR), bem como os rácios N_{ef} / N_f , N_{ef} / N_{ea} e N_{eg} / N_{ef} , na população referência.

		Raças autóctones		Raças exóticas			
		RSA	MA*	DC**	LR**	HP**	LC**
Fundadores	N_f	2 206	72	1 803	1 621	257	158
	N_{ef}	252	13.1	275	54	11	56
Ascendentes	N_a	2147	-	837	826	29	74
	N_{ea}	234	12.7	-	-	-	-
Genomas fundadores	N_{eg}	156.8	-	19	18	4	4
Nº que explica 50%	N_{f50}	118	5	-	-	-	-
	N_{a50}	106	5	16	17	4	7
Rácios	N_{ef} / N_f	0.11	0.18	0.15	0.03	0.04	0.35
	N_{ef} / N_{ea}	1.08	1.03	-	-	-	-
	N_{eg} / N_{ef}	0.62	-	0.07	0.33	0.36	0.07

*Retirado de: Carolin, Gama & Vicente (2008); ** Retirado de: Melka e Schenkel (2010)

Relativamente à relação N_{ef} / N_{ea} , os resultados obtidos para a RSA assemelham-se muito aos resultados obtidos no MA, sendo estes superiores a 1, podendo afirmar-se que existem afunilamentos na população, embora não sejam muito acentuados.

Por último, mas não deixando de ser importante, foi calculado um rácio N_{eg} / N_{ef} que explica qual o impacto da deriva genética na população e a perda aleatória de alelos que dela resulta.

Segundo Falconer e Mackay (1996), a deriva genética é considerada como sendo a representação da amostragem aleatória das frequências génicas geração após geração. Assim, se houver uma monitorização das frequências génicas em cada geração, numa população de tamanho finito e reduzido, nota-se que ocorrem flutuações irregulares nas frequências génicas ou alélicas e que estas são tanto maiores quanto menor for a dimensão da população em causa.

Na prática, quanto menor for o rácio entre o número efetivo de genomas fundadores e o número efetivo de fundadores, maior será o impacto da deriva genética na população (Melka & Schenkel, 2012). Para a RSA o valor obtido foi de 0.62, o que implica alguma

perda de informação genética representada nos genomas fundadores, devido ao processo de amostragem em cada geração e à ocorrência de deriva genética na população. Apesar disto, nota-se que o impacto da deriva genética é maior no DC e LC, seguido pelo LR, HP e RSA.

Vicente *et al.* (2012) referem que uma razão entre o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ascendentes superior a 1, é indicação de que há deriva genética e afunilamentos recentes na raça. Na RSA este valor é igual a 1.08, o que vem a confirmar o que foi anteriormente referido, embora sem grande impacto.

Se a razão entre o número efectivo de fundadores e tamanho efectivo da população for superior a 0.5, há indicação de que a deriva genética não estabilizou na população (Sorensen, Sorensen, & Berg, 2005). No caso do porco Alentejano, esta razão foi de 10.03, o que indica que a população não se encontra estável.

Por outro lado, o número efetivo de genomas fundadores relativamente ao número efetivo de fundadores representados na população de referência foi 0.62, o que sugere a ocorrência de deriva genética e a consequente perda de representatividade dos fundadores na população de referência.

Globalmente, os nossos resultados indicam que existe um nível elevado de diversidade genética na raça suína Alentejana, ainda que tenha que levar-se em consideração a perda de diversidade que resulta do aumento rápido da consanguinidade que tem vindo a observar-se. No entanto, não pode discutir-se isoladamente a conservação do porco Alentejano, já que a raça suína Alentejana pertence ao grupo conhecido como tronco Ibérico, que engloba diversas outras variedades criadas em Espanha, nomeadamente a Retinta, Entrepelada, Lampiña, Torbiscal e Manchado de Jabugo. A proximidade genética do Porco Alentejano em relação às estirpes espanholas está bem estabelecida (Gama, et al., 2013), havendo mesmo algumas linhas em Espanha que são conhecidas pela influência determinante que as estirpes portuguesas Caldeira e Ervideira tiveram na sua fundação (Rodrigáñez, Rodríguez, Silió, & Toro, 2000). Nas variedades espanholas do Porco Ibérico, três variedades - Torbiscal, Lampiño e Manchado de Jabugo - foram classificadas como estando em perigo de extinção, estando o programa de conservação e melhoramento da raça a cargo da *Asociación Española de Criadores de Cerdo Ibérico* (AECERIBER). Neste programa, as actividades de conservação têm como objectivo manter a variabilidade genética nas explorações com animais de raça pura, mas também manter o animal em meio rural e tornar simultaneamente a sua produção sustentável.

Os métodos de conservação adoptados pela AECERIBER foram a conservação *in situ* e conservação de germoplasma (*ex situ*). Na conservação *in situ*, que consiste essencialmente em manter e/ou gerir os animais no seu *habitat* natural, são apontadas algumas sugestões como:

- ❖ Dispor de uma proporção macho/fêmea de 1 macho para 15 fêmeas;
- ❖ Diferenciar o manejo reprodutivo consoante a variedade existente na exploração;
- ❖ Efectuar um registo genealógico das cobrições e nascimentos;
- ❖ Praticar uma política de selecção dos animais que vão substituir os pais, de forma a minimizar a consanguinidade;
- ❖ Uso de sémen de animais da mesma variedade;
- ❖ Submeter os animais a provas de coerência com o perfil da raça, nomeadamente utilizando técnicas de genética molecular, como os painéis de SNP's;
- ❖ Prestar uma especial atenção aos efeitos nocivos da acumulação da consanguinidade sobre os aspectos morfológicos, reprodutivos ou produtivos.

Dada a semelhança do modo de produção e da excelência de produtos entre a RSA e as variedades do Porco Ibérico, seria interessante pensar na aplicação de alguns parâmetros sugeridos pela AECERIBER na conservação da RSA. Neste sentido, o porco Alentejano poderá mesmo ter alguma vantagem relativamente aos seus congéneres espanhóis, já que os animais registados como Alentejanos puros não têm contributo de qualquer outra raça. Contrariamente, a certificação do porco Ibérico e dos seus produtos tem sofrido várias alterações ao longo dos anos, que permitiram a certificação e registo de animais que na verdade são resultado de cruzamentos, sobretudo com Duroc. Assim, desde 2007, a certificação dos produtos em Espanha considerou as categorias “Ibérico puro” e “Ibérico”, em que a primeira correspondia a animais inscritos no Livro Genealógico do porco Ibérico e a segunda a animais que reuniam características raciais do Ibérico ou eram filhos de pai Duroc e mãe de tipo Ibérico. Presentemente, está em discussão a alteração da terminologia de “Ibérico puro” para “100% Ibérico”, abrindo o Livro Genealógico do porco Ibérico à incorporação daqueles animais que estavam registados como Ibéricos mas não como Ibéricos puros. Nestas condições, é provável que a curto prazo o porco da raça Alentejana seja dos poucos que vai manter-se isento da miscigenação com outras raças, o que lhe dará uma enorme importância em termos de conservação.

CONCLUSÃO

A caracterização genética de uma raça por análise demográfica tem vindo a provar ser uma ferramenta muito útil em populações de animais domésticos, ao permitir estudar a sua estrutura racial e identificar estrangulamentos que possam comprometer a variabilidade genética.

A raça suína Alentejana esteve praticamente extinta a partir do ano 1960, como consequência de diversos fatores como o êxodo rural, alteração dos hábitos alimentares e surtos de Peste Suína Africana que assolaram o país. Em finais do século XX, a raça foi recuperada a partir de um reduzido número de animais remanescentes, e desde então tem vindo a sofrer algumas flutuações nos seus efetivos. Atualmente existem cerca de 5000 porcas ativas no LG da raça suína Alentejana, tendo ocorrido uma redução nos últimos anos devido a constrangimentos do mercado. Contudo, existem falhas nos registos genealógicos que indicam a necessidade de completar a informação genealógica de forma mais consistente e periódica, através de uma recolha de dados feita regularmente, confirmada por testes de paternidade periódicos, já que sem genealogias fiáveis os programas de melhoramento e de conservação ficam obviamente comprometidos.

Na raça suína Alentejana não existem afunilamentos muito acentuados nos *pedigrees*, apesar de haver uma notória contribuição de um pequeno grupo de animais no património genético da raça.

O tamanho efetivo da população é bastante reduzido (cerca de metade do recomendado pela FAO) e a taxa de consanguinidade está a aumentar de forma preocupante, numa situação que é potencialmente comprometedora para a raça, se não forem tomadas medidas atenuantes.

Entre animais da mesma exploração existe um elevado parentesco médio, mas entre explorações o parentesco é baixo, o que permitirá um controle fácil da consanguinidade pelo intercâmbio de animais entre explorações.

Algumas medidas que podem ser tomadas para coadjuvar na conservação/melhoramento da raça suína Alentejana incluem a redução da taxa de consanguinidade pela restrição da seleção de animais aparentados, rotação de animais entre explorações, redução do intervalo entre gerações, criação de sublinhas, aplicação de programas de acasalamento programados, equilibrar o rácio macho:fêmea, efetuar um controlo genealógico das cobrições e nascimentos e usar sémen de animais da mesma variedade com parentesco mais distante. Uma combinação adequada destas estratégias permitirá manter a diversidade genética da raça suína Alentejana para o futuro, garantindo assim o sucesso da sua selecção e conservação.

BIBLIOGRAFIA

- ACPA. (28 de Abril de 2013). *Associação de Criadores de Porco Alentejano*. Obtido de <http://www.porcoalentejano.com/raca.aspx>
- Almeida, J. (1986). *Influência dos taninos de frutos Quercus ilex L e Quercus suber L. sobre a fermentação retículo- ruminal e a digestibilidade enzimática das proteínas*. Tese de Doutoramento. Universidade de Évora (Portugal): 323 pp.
- Alves, E., Barragán, C., & Toro, M. A. (2008). Inbreeding and homozygosity in Iberian pigs. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 6, 248-251.
- ANCPA. (2013). Obtido em 26 de Abril de 2013, de Associação Nacional dos Criadores do Porco Alentejano: http://ancpa.suinicultura.com/?page_id=73
- Bereskin, B., Shelby, C. E., Rowe, K. E., Rempel, W. E., Dettmers, A. E., & Norton, H. W. (1970). Inbreeding and swine productivity in Minnesota experimental Herds. *Journal of Animal Science*, 31, 278-288.
- Boichard, D., Maignel, L., & Verrier, É. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution*, 5-23.
- Bradford, G. E., Chapman, A. B., & Grummer, R. H. (1958). Effects of inbreeding, selection, linecrossing and topcrossing in swine. I. Inbreeding and selection. *Journal of Animal Science*, 17, 426-440.
- Caballero, A., & Toro, M. A. (2000). Interrelations between effective population sizes and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.*, 75, 331-343.
- Carolino, N., & Gama, L. T. (2008). Indicators of genetic erosion in an endangered population: The Alentejana cattle breed in Portugal. *Journal of Animal Science*(86), 47-56.
- Carolino, N., Gama, L., & Vicente, A. (2008). *Retrospectiva sobre estudos demográficos em raças autóctones portuguesas*. IX Simposio IberoAmericano sobre Conservación y Utilización de recursos Zoogenéticos. Mar del Plata, Argentina, 523-526.
- Cervantes, I., Molina, A., Goyache, F., Gutiérrez, J. P., & Valera, M. (2008). Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. *Livestock Science*, 24 - 33.
- Cruz, C. (2006). *O cão de Fila de S. Miguel*. C.P.C.
- Danchin - Burge, C., Palhière, I., François, D., Bibé, B., Leroy, G., & Verriér, E. (2010). Pedigree analysis of seven small French sheep populations and implications for the management of rare breeds. *Journal of Animal Science*, 88, 505-516.
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. (1996). *An Introduction to Quantitative Genetics* (4^a ed.). Harlow, Inglaterra: Longman.
- FAO. (1998). *Secondary Guidelines for the National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Ppopulations at risk*. Roma, Itália: FAO.
- FAO. (2013). *Animal Production and health* (Vol. In vivo conservation of animal genetic resources).
- Faria, F. J., Filho, A. E., Madalena, F. E., & Josahkian, L. A. (2004). Estrutura Genética da Raça Sindi no Brasil. *Revista Brasileira Zootecnia*, 33, pp. 852-857.
- Faustino, M. B., & Oliveira, A. R. (2012). Contributo para a fileira emergente do porco alentejano (*Sus ibericus*). *Suinicultura*, 96, pp. 43-46.
- Fernandes, L. S., Freitas, A. B., & d'Abreu, M. C. (2008). Evolução dos sistemas de produção de porco Alentejano e efeitos do aumento de preço dos alimentos compostos na viabilidade económica da actividade. *Suinicultura*, 78, 54-63.
- Fernandes, S. D., Malovrh, S., Kovac, M., & Cadavez, V. A. (2003). Study of genetic diversity of Bísaro pigs breed by pedigree analysis. *Lucrări Stiintifice*, 53.
- Fernández, A., Rodríguez, J., Toro, M. A., Rodríguez, M. C., & Silió, L. (2002). Inbreeding effects on the parameters of the growth function in three iberian strains of Iberian pigs. *Journal of Animal Science*, 80, 2267-2275.
- Fernández, J., Clemente, I., Amador, C., Membrillo, A., Azor, P., & Molina, A. (2012). Use of different sources of information for the recovery and genetic management of

- endangered populations: Exempl with the extreme case of Iberian pig Dorado strain. *Livestock Science*, 282-288.
- Folch, P., & Jordana, J. (1998). Demographic characterization, inbreeding and maintenance of genetic diversity in the endangered Catalanian donkey breed. (INRA/Elsevier, Ed.) *Genet.Sel. Evol.*, 195-201.
- Frazão, T. L. (1984). O Porco Alentejano Melhorado. *Boletim Pecuário*, 13-75.
- Freitas (a), A. B. (s.d.). Passado, Presente e Futuro da Raça Suína Alentejana.
- Freitas (b), A. B. (s.d.). A Raça Suína Alentejana e a valorização dos montados.
- Freitas (c), A. B. (s.d.). Porco Alentejano de Montanha.
- Freitas, A. B. (2006). Alimentação em regime extensivo: Raça Suína Alentejana. Vila Real: IV Jornadas Internacionais de Suinicultura.
- Freitas, A. B., Nunes, A., Neves, J. T., & Charneca, R. (2003). *Valorização económica dos recursos genéticos animais: a fileira do porco alentejano*. Universidade de Évora.
- Gama, L. T. (2002). *Melhoramento Genético Animal*. Escolar Editora.
- Gama, L. T. (2006). Programas de selecção e conservação dos recursos genéticos animais: a experiência da Europa Mediterrânica. *Anais de Simpósio da 43ª Reunião Anual da SBZ*, pp. 633 - 648.
- Gama, Luís; Martinez, Amparo; Carolino, Maria Inês; Periat, Vincenzo; Delgado, Juan; Vicente, António; Vega-Plá, José; Cortês, Óscar; Sousa, Conceição. BIOPIG Consortium, B. (2013). Genetic structure, relationships and admixture with wild relatives in native pig breeds from Iberia and its islands. *Genetics Selection Evolution*, 45:18.
- Ghafari-Kesbi, F. (2010). Analysis of genetic diversity in a close population of Zandi sheep using genealogical information. *Journal of Genetics*, 89.
- Ghafari-Kesbi, F. (2012). Using pedigree information to study genetic diversity and re-evaluating a selection program in an experimental flock of Afshari sheep. *Archiv Tierzucht*, 4, 375-384.
- Goyache, F., Gutiérrez, J. P., Fernández, I., Gomez, E., Alvarez, I., Díez, J., & Royo, L. J. (2003). Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *Anim.Breed.Genet.*, 120, 95-105.
- Groeneveld, L. F.; Lenstra, J. A.; Eding, H.; Toro, M. A.; Scherf, B.; Pilling, D.; Negrini, R.; Finlay, E. K.; Jianlin, H.; Groenevel, E.; Weigend, S.; Consortium, The GLOBALDIV . . . Consortium, T. G. (2010). Genetic diversity in farm animals - a review. *Animal Genetics*, 41, 6-31.
- Gutiérrez, J.P.. Goyache, F.(2005). A note on Endog: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122,172-176.
- Gutiérrez, J., Cervantes, I., & Goyache, F. (2009). Improving the estimation of realised effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Science*, 126, 327-332.
- Janssens, S., Depuydt, J., Serlet, S., & W., V. (2005). Genetic variability in pigs assessed by pedigree analysis: the case of Belgian Landrace NN and Pietrain in Flanders. *56th Annual meeting of European Association for Animal Production*. Suíça.
- Köck, A., Fürst-Waltl, B., & Baumung, R. (2009). Effects of inbreeding on number of piglets born total, born alive and weaned in Austrian Large White and Landrace pigs. *Archiv Tierzucht*, 1, 51-64.
- Lacy, R. (1989). Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome euivalents. *Zoo biology*, 8, pp. 111-123.
- Larson, G., Dobney, K., Albarella, U., Meiying, F., Matisoo-Smith, E., Robins, J., . . . Cooper, A. (2005). Worldwide Phylogeography of Wild Boar Reveals Multiple Centers of Pig Domestication. (Science, Ed.) *Science*, 307, 1618-1621.
- Leroy, G. (2011). Genetic diversity, inbreeding and breeding practices in dogs: results from pedigree analyses. *The Veterinary Journal*, 189, pp. 177-182.
- Li, M. -H., Strandén, I., & Kantanen, J. (2009). Genetic diversity and pedigree analysis of the Finnsheep breed. *Journal of Animal Science*, 87, 1598-1605.
- Lima, P. J., Souza, D. L., Pereira, G. F., Torreão, J. N., Moura, J. F., Gomes, J. T., . . . Filho, E. C. (2007). Gestão genética de raças caprinas nativas no estado da Paraíba. *Arch.Zootec.*, 623-626.

- MacParland, S., Kearney, F., & Berry, D. P. (2009). Purging of inbreeding depression within the Irish Holstein-Friesian population. *Genetics, Selection, Evolution*, 41, 16.
- Maignel, L., & Labroue, F. (2001). Analyse de la variabilité génétique des races porcines collectives et des races locales en conservation à partir de l'information généalogique. *Journées Rech. Porcine en France*, 33, pp. 111-117.
- Maignel, L., Tribout, T., Boichard, D., Bidanel, J. P., & Guéblez, R. (1998). Analyse de la variabilité génétique des races porcines Large White, Landrace Français et Piétrain, sur la base de l'information généalogique. *Journées Rech. Porcine en France*, 30, 109-116.
- Malovrh, Š., Planinc, M., & Kovač, M. (2002). Genetic structure of Krškopolje pig based on pedigree data. *Optios Méditerranéennes*, 101, pp. 75-79.
- Melka, M. G., & Schenkel, F. (2010). Analysis of genetic diversity in four Canadian swine breeds using pedigree data. *Canadian Journal of Animal Science*, 90, 331-340.
- Meuwissen, T. H., & Woolliams, J. A. (1994). Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. *Theor. Appl. Genet*, 89, 1019-1026.
- Mikami, H., Fredeen, H. T., & Sather, A. P. (1977). Mass selection in a pig population. 2. The effects of inbreeding within the selected populations. *Can. J. Anim. Sci.*, 57, 627-634.
- Nagy, I.; Curik, I.; Radnai, I.; Cervantes, I.; Gyovai, P.; Baumung, R.; Farkas, J.; Szendrő, Z. (2009). Genetic diversity and population structure of the synthetic Pannon White rabbit revealed by pedigree analyses. *Journal of Animal Science*, 88, pp. 1267 - 1275.
- Narain, P. (2000). Genetic diversity - Conservation and assessment. *Current Science*, 79, 170-175.
- Nunes, J. T. (2007). Produção pecuária no Montado - suínos. *Revista de Ciências Agrárias*, 30 (1), 251 - 259.
- Pinheiro, M., Kjölleström, H. J., & Oom, M. M. (2013). Genetic diversity and demographic structure of the endangered Sorraia horse breed assessed through pedigree analysis. *Livestock Science*, 152, 1-10.
- Rodríguez, J., Rodríguez, C., Silió, L., & Toro, M. A. (2000). Alleles survival from Portuguese and Spanish strains in a population of Iberian pig. *CIHEAM - Options Méditerranéennes*, 41, 57-61.
- Ruvinsky, A., Rothschild, M. F., Larson, G., & Gongora, J. (2011). *The genetics of the pig* (2^a ed.). CAB.
- Silva, P. (2003). O Porco Alentejano. *Boletim informativo - Escola Superior Agrária de Beja*, 2, 2-3.
- Sorensen, A., Sorensen, M., & Berg, P. (2005). Inbreeding in Danish dairy. *J. Dairy Sci.*, 88, 1865-1872.
- Toro, M. A., Meuwissen, T. H., Fernández, J., Shaat, I., & Måki-Tanila, A. (2011). Assessing the genetic diversity in small farm animals populations. *Animal*, 5:11, 1669-1683.
- Vassart, M. (1995). Nouveaux outils en génétique de la conservation. *Revue Méd. Vét.*, 146, 171-180.
- Vicente, A. (2005). *Caracterização do porco Malhado de Alcobaça*. Dissertação de Mestrado em Produção Animal. Universidade Técnica de Lisboa..
- Vicente, A. A., Carolino, N., & Gama, L. T. (2012). Genetic diversity in the Lusitano horse breed assessed by pedigree analysis. *Livestock Science*, 148, 16-25.
- Weigel, K. A. (2001). Controlling inbreeding in modern breeding programs. *J. Dairy Sci.*, 84.
- Welsh, C. S., Stewart, T. S., Schwab, C., & Blackburn, H. D. (2010). Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United States and the implications for genetic conservation. *Journal of Animal Science*, 88, 1610-1618.